BEST AVAILABLE COPY



ORGANISATION MONDIALE DE LA PROPRIETE INTELLECTUELLE Bureau international



BI

DEMANDE INTERNATIONALE PUBLIEE EN VERTU DU TRAITE DE COOPERATION EN MATIERE DE BREVETS (PCT)

WO 92/07000 (51) Classification Internationale des brevets 5: (11) Numéro de publication internationale: A1 C07K 15/00 (43) Date de publication internationale: 30 avril 1992 (30.04.92) (74) Mandataire: WARCOIN, Jacques; Cabinet Regimbeau, PCT/FR91/00835 (21) Numéro de la demande internationale: 26, avenue Kleber, F-75116 Paris (FR). 23 octobre 1991 (23.10.91) (22) Date de dépôt international: (81) Etats désignés: AT (brevet européen), BE (brevet européen), CA, CH (brevet européen), DE (brevet européen), DK (brevet européen), ES (brevet européen), FR (brevet (30) Données relatives à la priorité: 23 octobre 1990 (23.10.90) FR 90/13101 européen), GB (brevet européen), GR (brevet européen), IT (brevet européen), JP, LU (brevet européen), NL (bre-(71) Déposant (pour tous les Etats désignés sauf US): TRANS-GENE S.A. [FR/FR]; 11, rue de Molsheim, F-67082 vet européen), SE (brevet européen), US. Strasbourg Cédex (FR). Publiée Avec rapport de recherche internationale. (72) Inventeurs; et (75) Inventeurs/Déposants (US seulement): CHAMBON, Pierre [FR/FR]; 4, rue du Dr.-Albert-Schweitzer, F-67113 Blaesheim (FR). KIENY, Marie-Paule [FR/FR]; 7, rue Aloïse-Quintenz, F-67000 Strasbourg (FR). LATHE, Ri-chard [GB/GB]; 1A The Avenue, Leeds LS8 (GB). HA-REUVENI, Mara [IL/IL]; 2/30 Haneviim Str., 47 279 Ramat-Ha-Sharon (IL). (54) Title: PHARMACEUTICAL COMPOSITION FOR THE TREATMENT OR PREVENTION OF A MALIGNANT TU-MOR (54) Titre: COMPOSITION PHARMACEUTIQUE POUR LE TRAITEMENT OU LA PREVENTION D'UNE TUMEUR **MALIGNE** (57) Abstract Pharmaceutical composition for the treatment or prevention of a malignant tumour comprising, as therapeutic agent, a polypeptide recognized by the hybridoma-produced antibody (ATCC nº HB 8630), or alternatively a virus in the genome of which is inserted a DNA fragment coding for the above-mentioned polypeptide. (57) Abrégé L'invention se rapporte à une composition pharmaceutique pour traiter ou prévenir une tumeur maligne qui comprend, à titre d'agent thérapeutique, un polypeptide reconnu par l'anticorps produit par l'hybridome ATCC nº HB 8630, ou de manière alternative, un virus dans le génome duquel est insère un fragment d'ADN codant pour le polypeptide cité ci-dessus.

UNIQUEMENT A TITRE D'INFORMATION

Codes utilisés pour identifier les Etats parties au PCT, sur les pages de couverture des brochures publiant des demandes internationales en vertu du PCT.

| AT | Autriche | ES | Espagne | MG | Madagascar |
|----|--------------------------|------|-----------------------------------|-----|-----------------------|
| | | | | | _ |
| AU | Australic | FI | Finlande | ML | Maſi |
| BB | Barbade | FR | France | MN | Mongolic |
| BE | Belgique | GA | Gabon | MR | Mauritanie |
| BF | Burkina Faso | GB | Ruyaume-Uni | MW | Malawi |
| BG | Bulgaric | GN | Guinée | NL | Pays-Bas |
| BJ | Bénin | GR | Grèce | NO | Norvège |
| BR | Brésil | HU | Hongric | PL | Pologne |
| CA | Canada | IT | Italie | RO | Roumanie |
| CF | République Centraficaine | JP | Japon | SD | Soudan |
| CG | Congo | KP | République populaire démocratique | SE | Suède |
| CH | Suisse | | de Corée | SN | Sčnégal |
| Cl | Côte d'Ivoire | KR | République de Corée | su+ | Union soviétique |
| CM | Cameroun | LI | Liechtenstein | TD | Tchad |
| cs | Tchécoslovaquic | LK | Sri Lanka | TG | Togo |
| DE | Allemagne | ᄖ | Luxembourg | US | Etats-Unis d'Amérique |
| DK | Danemark | . MC | Monaco | | • |

⁺ Toute désignation de "SU" produit ses effets dans la Fédération de Russie. On ignore encore si une telle désignation produit ses effets dans les autres Etats de l'ancienne Union soviétique.

WO 92/07000 PCT/FR91/00835

COMPOSITION PHARMACEUTIQUE POUR LE TRAITEMENT OU LA PREVENTION D'UNE TUMEUR MALIGNE

La présente invention a pour objet une composition pharmaceutique destinée au traitement curatif ou à la prévention d'une tumeur maligne, plus particulièrement d'un carcinome, tout spécialement d'un cancer du sein.

La plupart des cellules tumorales expriment à leur surface des antigènes qui diffèrent soit qualitativement, soit quantitativement des antigènes présents à la surface des cellules normales correspondantes. Ces antigènes sont spécifiques lorsqu'ils sont uniquement exprimés par des cellules tumorales. Lorsqu'ils sont présents à la fois sur des cellules normales et tumorales, ces antigènes sont dits associés à la tumeur; dans ce cas, ils sont présents soit en plus grande quantité, soit sous une forme différente dans les cellules tumorales.

La grande majorité des antigènes de tumeur qui ont été jusqu'à présent caractérisés chez l'homme sont des antigènes humains associés à une tumeur (appelés par la suite antigènes associés). Parmi ceux-ci on distingue:

- les antigènes oncofoetaux, tel que l'antigène carcino-embryonnaire, qui sont présents dans les tissus foetaux et absents ou à l'état de trace dans les tissus adultes correspondants; leur expression est à nouveau induite de manière aberrante lors du développement d'une tumeur;
- les antigènes de différenciation qui ne sont normalement exprimés que pendant certaines étapes de la maturation d'un type particulier de cellules; les cellules tumorales
 qui expriment un tel antigène auraient pour origine une cellule bloquée dans sa différenciation;
 - les produits des oncogènes qui commencent à être identifiés.

10

La spécificité d'un antigène associé à une tumeur est donc plutôt quantitative que qualitative puisque ce dernier peut être présent chez un individu normal, de manière localisée ou intermittente (période foeto-embryonnaire) ou à l'état de traces, et ne devient hyperexprimé (expression augmentée d'un facteur 10 à 1000 fois) que lors d'un processus de tumorigenèse. Lorsque cet antigène est normalement exprimé, il est reconnu par le système immunitaire comme partie du "Soi" tandis que son hyperexpression ou son expression aberrante peut déclencher une réponse immunitaire humorale ou cellulaire.

D'une manière générale, il existe deux grands types de réponse immunitaire : la réponse de type humoral qui est caractérisée par la production d'anticorps par les lymphocytes B et la réponse immunitaire à médiation cellulaire qui met en jeu des cellules effectrices i.e., essentiellement les macrophages et les lymphocytes T cytotoxiques ainsi que des cellules régulatrices de la réponse immunitaire, i.e., les lymphocytes T helper et suppresseurs.

15

Une réponse immunitaire à médiation cellulaire nécessite la coopération des lymphocytes T helper et des cellules effectrices. Cette coopération s'effectue, en particulier, grâce à l'interleukine-2 et autres diverses lymphokines qui sont sécrétées par les lymphocytes T helper activés. Par la suite, l'interleukine-2 induit l'action des lymphocytes T cytotoxiques et les lymphokines déclenchent la réponse de phagocytose des macrophages. En parallèle, il existe de même un mécanisme suppresseur de la réponse immunitaire à médiation cellulaire qui met en oeuvre les lymphocytes T suppresseurs.

Il est maintenant bien connu que des patients atteints d'un cancer peuvent développer une réponse immunitaire humorale et à médiation cellulaire. Ceci a été mis en particulier en évidence en démontrant que le sérum de certains patients contenaient des anticorps anti-antigène de tumeur et que leur sérum était capable d'inhiber la croissance de cellules cancéreuses in vitro. Néanmoins, dans la mesure où les régressions tumorales spontanées sont extrêmement rares, il semble que la réponse immunitaire que l'on observe in vitro reste inefficace in vivo. Dans le même ordre d'idées, il est aussi connu que les greffes de tumeurs ne sont pas souvent rejetées, même chez des animaux immuns, tandis que les allogreffes le sont toujours.

Bien qu'une réponse immunitaire puisse se développer à l'encontre d'une tumeur, il est douteux que celle-ci soit d'un réel bénéfice pour le malade. Tout semble indiquer qu'une tumeur échappe aux mécanismes de surveillance immunitaire de l'organisme. Divers modèles ont été proposés pour expliquer ce phénomène; pour une revue complète et détaillée, voir Scientific American, Medecine, Chapter 6, VIII Tumor Immunology, 1990. En principe, les antigènes de tumeur joueraient un rôle non négligable en modifiant ou détournant la réponse immunitaire en faveur de la tumeur plutôt qu'en faveur de l'individu.

Compte tenu de la complexité de la réponse immunitaire à l'encontre des tumeurs et de la médiocrité des connaissances actuelles dans ce domaine, la mise en oeuvre d'un vaccin anti-cancer n'est pas du tout évidente. Des études chez des animaux ont montré que l'immunisation à l'aide de cellules cancéreuses vivantes ou tuées pouvaient conduire à un rejet d'une greffe tumorale ultérieure. Des tentatives d'immunisation à l'aide de produits acellulaires ont généralement été moins réussies.

A ce jour, la possibilité de fabriquer un vaccin contre un cancer en employant un antigène associé à ce cancer reste donc controversée. Une objection théorique majeure à ce mode de traitement réside en ce qu'une réponse immunitaire ne serait pas suffisante pour prévenir ou soigner une tumeur et qu'il est fort douteux qu'un vaccin puisse être protecteur, c'est-à-dire capable d'empêcher ou de freiner le développement d'une tumeur.

Néanmoins, il a maintenant été trouvé qu'un antigène de tumeur associé, entre autre au cancer du sein peut, sous forme vaccinale ou thérapeutique, induire une réponse immunitaire qui protège contre une attaque tumorale ultérieure ou en cours de développement. Il s'agit plus précisément de l'antigène reconnu par l'anticorps monoclonal H23 issu de l'hybridome ATCC N° HB 8630, déposé aux fins de la demande de brevet EPA 174 534 et publiquement disponible pour des travaux de recherche expérimentaux. L'anticorps H23 est d'autre part commercialement disponible auprès de Teva Pharmaceutical Industries Ltd, 5 Basel Street, Petah Tiqva, P.O. Box 1424, Tel-Aviv, Israël.

L'anticorps H23 a été généré à l'encontre de matériel particulaire présent dans le surnageant des cultures <u>in vitro</u> de la lignée de cellules mammaires tumorales T47D. Par la suite, il a été montré que l'anticorps H23 réagissait nettement avec un grande majorité de biopsies de tumeurs mammaires ainsi qu'avec le sérum et autres liquides physiologiques des patients présentant un cancer du sein. Par contre, l'anticorps H23 ne détecte pas d'antigène, ou sinon à l'état de trace, dans le cas d'individus sains.

30

L'antigène de tumeur reconnu par l'anticorps H23 est donc exprimé de manière aberrante par les cellules épithéliales du tissu mammaire cancéreux dans environs 90 % des cas de cancer du sein, tandis que chez un individu normal, son expression est très faible sinon nulle. Sa présence en quantité significative a été aussi détectée dans des tissus epithéliaux tumoraux autres que les tissus épithéliaux mammaires.

20

25

Chez un même patient, l'antigène de tumeur reconnu par l'anticorps H23 existe sous deux formes : une forme transmembranaire et une forme sécrétée dont les séquences en acides aminés sont respectivement montrées dans les identificateurs de séquence (IS) n° l et 2. La forme transmem-5 branaire et la forme sécrétée présentent toutes deux un haut degré de polymorphisme. En effet, la séquence des deux formes d'antigène comprend une sous-unité particulière de 20 acides aminés qui apparaît encadrée dans chaque IS et qui peut être répétée en tandem plusieurs fois. La séquence de cette sous-unité a pour formule (I): Pro-Gly-Ser-Thr-Ala-Pro-X-Ala-His-Gly-Val-Thr-Ser-Ala-Pro-Asp-Y-Arg-Pro-X dans laquelle X est Pro ou Ala et Y est Thr ou Asn. D'un individu à l'autre, le nombre de répétitions en tandem peut varier de 20 à 80 environ et, entre autre, caractérise le type polymorphe. Enfin, il peut se faire que d'une répétition à l'autre, un minimum d'acides aminés (le plus souvent 1,2 ou 3 acides aminés) soit modifié.

D'autre part, il a été établi que la sous-unité de 20 acides aminés précédemment décrite était spécifique de l'antigène de tumeur réagissant avec l'anticorps H23 puisque cette sous-unité comporte l'épitope reconnu par cet anticorps.

En conséquence, l'invention propose une composition pharmaceutique destinée au traitement curatif ou à la prévention d'une tumeur maligne qui comprend, à titre d'agent thérapeutique, (i) un polypeptide reconnu par l'anticorps H23 ou, de manière alternative, (ii) un virus dans le génome duquel est inséré un fragment d'ADN codant pour un polypeptide reconnu par l'anticorps H23, en association avec un diluant ou un support acceptable d'un point de vue pharmaceutique.

D'un point de vue plus général, l'invention a également pour objet, à 30 titre d'agent thérapeutique pour le traitement ou la prévention d'une tumeur maligne, un polypeptide reconnu par l'anticorps H23.

15

25

30

De même, l'invention a aussi pour objet :

- l'usage (i) d'un polypeptide reconnu par l'anticorps H23, ou, de manière alternative, l'usage (ii) d'un virus dans le génome duquel est inséré un fragment d'ADN codant pour un polypeptide reconnu par l'anticorps H23 pour soigner ou prévenir une tumeur maligne;
- une méthode de traitement curatif ou de prévention d'une tumeur maligne qui comprend l'acte d'administrer une quantité thérapeutiquement efficace (i) d'un polypeptide reconnu par l'anticorps H23 ou, de manière alternative, (ii) d'un virus dans le génome duquel est inséré un fragment d'ADN codant pour un polypeptide reconnu par l'anticorps H23, à un sujet ayant besoin d'un tel traitement. (Par "quantité thérapeutiquement efficace", on entend une quantité suffisante pour mettre en oeuvre une thérapie efficace).

Un poypeptide reconnu par l'anticorps H23 peut être notamment un polypeptide qui comprend la séquence (I): Pro-Gly-Ser-Thr-Ala-Pro-X-Ala-His-Gly-Val-Thr-Ser-Ala-Pro-Asp-Y-Arg-Pro-X, dans laquelle X est Pro ou Ala et Y est Thr ou Asn. La séquence (I) peut être la séquence complète du polypeptide reconnu par l'anticorps H23 ou bien représenter un fragment unique ou répété du polypeptide reconnu par l'anticorps H23.

Un poypeptide préféré reconnu par l'anticorps H23 est un polypeptide reconnu par l'anticorps H23 dont la séquence présente un degré d'homologie d'au moins 80 %, de préférence d'au moins 90 %, de manière tout à fait préférée de 95 à 100 % inclus, avec la séquence de l'antigène du tissu épithélial humain reconnu par l'anticorps H23 (dans la suite du texte, cet antigène sera prénommé H23 - ETA) sous sa forme transmembranaire ou sécrétée.

10

15

20

25

30

Telle que montrée dans l'IS n° 1, la forme transmembranaire de H23 - ETA a une séquence en acides aminés commençant avec le résidu thréonine en position 1 et finissant avec le résidu leucine en position $414 + (20 \times \underline{n})$, tandis que, telle que montrée dans l'IS n° 2, la forme sécrétée de H23 - ETA a une séquence en acides aminés commençant par le résidu thréonine en position 1 et finissant avec le résidu proline en position $246 + (20 \times \underline{n})$. D'une façon tout à fait générale, \underline{n} est un nombre de 1 à 80; de préférence, \underline{n} est un nombre de 1 à 40; de manière tout à fait préférée, \underline{n} est 2, 3 ou 4.

Plus précisément, les formes transmembranaire et sécrétée de H23 - ETA ont en commun une région N-terminale de 106 acides aminés (appelée par la suite région N-terminale) et une région médiane correspondant à l'ensemble des sous unités répétées; par contre leurs extrémités C-terminales divergent sensiblement. Les acides aminés de la position 107 + (20 x n) à la position 149 + (20 x n) sont identiques pour les deux formes et varient à partir de la position 150 + (20 x n).

Un polypeptide préféré reconnu par l'anticorps H23 dont la séquence n'est pas identique à l'une de celles décrites dans les IS n° 1 et 2, se caractérise par au moins une mutation d'un acide aminé (mutation ponctuelle) distribuée au hasard dans les régions N-ou C-terminale. Le nombre de mutations totales doit bien sûr satisfaire le critère du degré d'homologie tel que précédemment établi. Par "mutation ponctuelle", on entend la délétion ou la substitution d'un acide aminé de la région N- ou C-terminale décrite dans l'IS n° 1 ou 2 ainsi que l'addition d'un acide aminé au sein de la région N- ou C-terminale décrite dans l'IS n° 1 ou 2.

D'une manière générale, un polypeptide reconnu par l'anticorps H23 peut être produit par les méthodes conventionnelles de synthèse chimique ou bien, lorsque la séquence d'acides aminés comprend un nombre de résidus important, par les techniques de l'ADN recombinant. Plus particulièrement, un procédé de préparation comprend l'acte de cultiver un micro-organisme hôte transformé par un fragment d'ADN codant pour un polypeptide reconnu par l'anticorps H23 et l'acte de récolter ledit polypeptide à partir de la culture. L'organisme hôte peut être n'importe quel micro-organisme capable d'être transformé, par exemple et sans limitation, une bactérie, une levure ou bien une cellule de mammifère, dans la mesure où le fragment d'ADN considéré est soit intégré dans le

WO 92/07000 PCT/FR91/00835

- 7 -

génome de l'organisme hôte, soit inséré dans un vecteur d'expression approprié, c'est-àdire, capable de se repliquer chez l'organisme hôte. Bien entendu, le fragment d'ADN codant pour le polypeptide reconnu par l'anticorps H23 est placé sous le contrôle de régions comportant des signaux de transcription et de traduction appropriés. Vecteurs d'expression et régions de contrôle sont connus de l'homme du métier.

Au cours de la dernière décade, il a été proposé d'utiliser des virus recombinés, comme agents destinés à induire une réponse immunitaire à l'encontre d'organismes pathogènes variés. A cette fin, les adénovirus ou les poxvirus conviennent tout particulièrement. Pour usage dans la présente invention, les poxvirus aviaires, le poxvirus du canari, ou le virus de la vaccine sont tout à fait adaptés. Le virus de la vaccine présente une réaction immunitaire croisée avec le virus de la variole et, de ce fait, a été utilisé comme agent vaccinal anti-variolique depuis le 19e siècle. Au début des années 80, la variole a été considérée comme éradiquée de la surface du globe et l'Organisation 15 Mondiale de la Santé a, en conséquence, jugé préférable d'arrêter de vacciner contre la variole. Le virus de la vaccine est donc maintenant disponible pour mettre en oeuvre des vaccins comprenant un virus de la vaccine dont le génome a été modifié de manière à exprimer des gènes hétérologues codant pour des déterminants antigéniques spécifiques d'un organisme vecteur d'une maladie autre que la variole.

20

C'est pourquoi l'agent thérapeutique d'une composition pharmaceutique selon l'invention peut être, de manière alternative, un virus dans le génome duquel est inséré un fragment d'ADN codant pour un polypeptide reconnu par l'anticorps H23.

Ce type de composition pharmaceutique présente l'avantage d'une production bon marché et d'une grande stabilité dans des conditions d'environnement variées. En particulier, les conditions de conservation ne sont pas contraignantes.

Les conditions générales d'obtention d'un virus de la vaccine capable d'exprimer 30 un bloc d'expression d'une protéine hétérologue sont décrites dans le brevet européen EP 83 286 dont le contenu est ici incorporé par référence. Ces conditions sont applicables aux autres virus acceptables comme vecteurs dans la mesure où ces derniers possèdent au moins une région génomique non-essentielle dans laquelle un bloc d'expression peut être inséré.

35

Un virus de la vaccine dans le génome duquel est inséré un fragment d'ADN codant pour un polypeptide reconnu par l'anticorps H23 peut être aussi utilisé comme vecteur d'expression particulier en vue de produire ledit polypeptide en culture de cellules de mammifère, tel que précédemment indiqué.

WO 92/07000 PCT/FR91/00835

-8-

Un polypeptide reconnu par l'anticorps H23 ou un virus dans le génome duquel est inséré un fragment d'ADN codant pour ledit polypeptide présente une activité anti tumorale in vivo dans le test suivant : on traite par deux fois, à dix jours d'intervalle entre les deux traitements, des souris de la lignée C3H ou des rats de la lignée Fisher, âgés de 5 4 à 5 semaines, avec soit, entre 10 et 500µg d'un polypeptide reconnu par l'anticorps H23 ou soit, entre 10° et 10° pfu (unités formant plaque) d'un virus dans le génome duquel est inséré un fragment d'ADN codant pour ledit polypeptide. Lorsque l'on utilise un polypeptide, le traitement s'effectue de préférence par injection sous-cutanée. Une scarification de la queue est préférée dans le cas d'un virus. Quinze jours après le premier 10 traitement, on injecte de manière sous-cutanée environ 10⁴ à 10⁷ cellules tumorales syngéniques exprimant H23-ETA, qui ont été cultivées in vitro, traitées à la trypsine, lavées et resuspendues en tampon PBS (phosphate buffered saline) sous un volume d'environ 100 µl. En parallèle, on soumet de même des animaux non traités à une attaque tumorale identique. Environ 20 jours après l'injection des cellules, la taille des tumeurs 15 sous-cutanées est plus petite chez les animaux traités par un polypeptide ou un virus que chez des animaux non traités.

Un polypeptide reconnu par l'anticorps H23 ou un virus dans le génome duquel est inséré un fragment d'ADN codant pour ledit polypeptide est de ce fait utile en vue de 20 traiter ou de prévenir un état cancéreux, plus particulièrement une tumeur de type carcinome (tumeur développée par des cellules épithéliales), par exemple une tumeur mammaire.

Pour ces prescriptions, le dosage approprié varie en fonction, par exemple du polypeptide ou du virus employé, de l'individu traité, du mode d'administration, de l'utilisation à titre de vaccin ou de traitement, et de la nature et de la sévérité de l'état tumoral qui est traité. Cependant, en général, des résultats de vaccination satisfaisants chez des mammifères, par exemple des humains, sont indiqués comme pouvant être obtenus avec un virus dans le génome duquel est inséré un fragment d'ADN codant pour ledit polypeptide, à un dosage unique ou répété une ou deux fois à environ 1 à 3 semaines d'intervalle, d'environ 10⁴ pfu/kg à environ 10⁸ pfu/kg du poids corporel du mammifère.

Une composition pharmaceutique selon l'invention peut être administrée par n'importe quelle voie conventionnelle, en particulier par voie sous-cutanée, par exemple sous forme de solution ou de suspension injectable. A titre de vaccin, une composition selon l'invention peut être administrée selon les modes conventionnellement pratiqués pour les vaccins déjà connus, par exemple en dose unique ou répétée une ou plusieurs fois après un certain délai d'intervalle. Lorsqu'une composition selon l'invention est en usage dans le traitement curatif d'un cancer, elle peut être administrée fréquemment pendant une période suffisante pour que le traitement soit efficace. Une telle composition peut être

injectée avantageusement de manière intra-tumorale.

Une composition pharmaceutique selon l'invention peut être préparée selon les techniques conventionnelles. Lorsque l'agent thérapeutique est un virus de la vaccine, ce virus est de préférence sous forme vivante atténuée. Des souches virales atténuées sont disponibles à ce jour; par exemple, la souche Copenhagen thymidine kinase négative. Pour obtenir les virus recombinants nécessaires pour mettre en œuvre une composition selon l'invention, il suffit d'utiliser une telle souche. Enfin un virus recombinant peut être atténué par un traitement chimique approprié connu de l'homme du métier.

10

L'invention est illustrée ci-après, avec pour référence la Figure 1.

La Figure 1 représente de manière schématique un fragment d'ADN génomique codant pour la forme sécrétée de H23-ETA (→1) ou pour la forme transmembranaire de H23-ETA (→2). Les blocs et les vides symbolisent respectivement les exons et les introns. Le fond noir correspond à la séquence signal et le fond hachuré signifie les séquences répétées (au nombre de 4: a, b, c et d). Les fragments d'ADN n° 1 et 2 sont utilisés pour la construction d'un fragment complet codant pour la forme sécrétée de H23-ETA tandis que les fragments n° 3 à 5 sont utilisés pour construire un fragment complet codant pour la forme transmembranaire de H23-ETA. Les sites de restriction indiqués dans cette figure se retrouvent de même dans les IS n° 1 et 2.

Exemple 1

- Des fragments d'ADN complémentaires et génomiques codant pour des portions de H23 sont isolés selon la procédure décrite dans Wreschner et al, Eur. J. Biochem. (1990) 189: 463. Ces fragments sont utilisés par la suite pour reconstituer un fragment d'ADN codant pour l'antigène H23-ETA complet sous sa forme sécrétée ou transmembranaire.
- Les constructions plasmidiques sont décrites ci-dessous, en référence à la Figure 1.
 - A. Préparation d'un virus de la vaccine capable de promouvoir la synthèse de la forme sécrétée de H23-ETA.
- Un fragment d'ADN complémentaire EcoRI-PvuII (n° 1) est introduit entre les sites EcoRI et PvuII de la région d'insertion multiple du vecteur pPolyII décrit dans Lathe et al, Gene (1987) 57: 193 pour donner le plasmide pETA-5'. Un fragment d'ADN génomique PvuII (n° 2), comportant 4 unités répétées, est introduit dans le site PvuII de la région d'insertion multiple de pETA-5', en aval du fragment n° 1 et en orientation appropriée. Dans les unités répétées a, b, c et d, les codons xxx₁ et xxx₂ sont

respectivement CCA (Pro) et CCC (Pro), CCA et CCC, GCA (Ala) et GCC, CCA et GCC. De même le codon yyy est ACC (Thr) dans les unités répétées a, b et c; le codon yyy est AAC (Asn) dans l'unité d.

Un fragment BamHI-Sall codant pour la forme sécrétée complète de H23-ETA est excisé du plasmide obtenu en dernier lieu. Puis, ce fragment est inséré entre les sites BamHI et Sall du vecteur de transfert ptg194-poly décrit dans Kieny et al, Bio/Technology, (1986) 4:790, en aval du promoteur du virus de la vaccine E7.5k et à l'intérieur du gène du virus de la vaccine codant pour la thymidine kinase.

10

Le vecteur de transfert obtenu au paragraphe précédent est utilisé par la suite pour transférer le bloc d'expression de la forme sécrétée de H23-ETA dans le génome du virus de la vaccine, souche Copenhagen, selon la méthode décrite dans Kieny et al, Nature (1984) 312: 163. On obtient ainsi le virus de la vaccine VV-ETA-S.

15

B. Préparation d'un virus de la vaccine capable de promouvoir la synthèse de la forme transmembranaire de H23-ETA.

Un fragment d'ADN génomique PvuII-PstI (n° 3), comportant 4 unités répétées, est introduit entre les sites PvuII et PstI de la région d'insertion multiple de pETA-5', en aval du fragment n° 1 et en orientation appropriée. Dans les unités répétées a, b, c et d, les codons xxx₁ et xxx₂ sont respectivement CCA (Pro) et CCC (Pro), CCA et CCC, GCA (Ala) et GCC, CCA et GCC. De même le codon yyy est ACC (Thr) dans les unités répétées a, b et c; le codon yyy est AAC (Asn) dans l'unité d.

25

Un fragment EcoRI-PstI correspondant aux fragments clonés est excisé du dernier plasmide obtenu. L'extrémité cohésive EcoRI est transformée en extrémité franche par traitement avec la polymérase klenow. Puis, ce fragment est introduit entre le site XhoI, préalablement traité par la polymérase klenow, et le site PstI de la région d'insertion mutiple du vecteur pPolyII-Sfi/Not-14 décrit dans Lathe et al, supra, pour donner le plasmide pETA-T-5'.

Un fragment d'ADN complémentaire PstI-Ball (n° 4) est introduit entre les sites PstI et Ball de pETA-T-5'. Puis, un fragment d'ADN complémentaire Ball-Ball (n° 5) est inséré dans le site Ball du plasmide obtenu en dernier lieu.

Un fragment BglII-SstI codant pour la forme transmembranaire complète de H23-ETA est excisé du plasmide obtenu au paragraphe précédent; puis, il est introduit entre les sites BamHI et SstI du vecteur de transfert ptg186-poly décrit dans Kieny et al, (1986) 40 supra, en aval du promoteur du virus de la vaccine E7.5k et à l'intérieur du gène du virus WO 92/07000 PCT/FR91/00835

. 11.

de la vaccine codant pour la thymidine kinase.

Le vecteur de transfert obtenu au paragraphe précédent est utilisé par la suite pour transférer le bloc d'expression de la forme transmembranaire de H23-ETA dans le génome du virus de la vaccine, souche Copenhagen (VV-O), selon la méthode décrite dans Kieny et al, 1984, supra. On obtient ainsi le virus de la vaccine VV-ETA-T.

Exemple 2: Préparation des stocks de virus.

Les stocks de virus purifiés sont préparés sur cellules BHK-21. Les cellules BHK-21 sont infectées par les virus recombinants VV-ETA-S et VV-ETA-T (0,1 pfu/cellule) pendant 48 heures. Après ce temps, les cultures sont congelées à -20°C, puis décongelées à température ambiante. Après destruction des parois cellulaires par 3 traitements successifs au "potter" dans un tampon hypotonique, les protéines solubles du surnageant sont chargées sur un coussin de saccharose 36 % (p/v) et centrifugées (SW 28 Beckman, 1h, 14 K). Le culot contenant le virus est repris en solution dans du Tris/HCl 10 mM pH8 et déposé sur un gradient linéaire (20-40 %) de saccharose. Après centrifugation (SW 28, 40 min, 14 K), la bande opalescente contenant le virus est reprise à l'aide d'une seringue et concentrée par centrifugation (SW 28, 20 K, 1h). Le virus est enfin repris dans un petit volume de Tris/Hcl 10 mM pH8 de façon à obtenir un stock viral titrant 10¹⁰ pfu/ml environ.

Exemple 3: Lignées cellulaires tumorales exprimant H23-ETA.

A. Construction des plasmides eucaryotes capable de promouvoir l'expression de H23-ETA.

Un fragment d'ADN BamHI-Sall, codant pour la forme sécrétée de H23-ETA est excisé du plasmide obtenu dans l'exemple 1A, premier paragraphe. Puis, il est réintroduit entre les sites BamHI et SalI de la région d'insertion multiple du plasmide pHMG décrit dans Gautier et al, Nucl. Acid Res., (1989) 17 (20): 83, de manière à être placé sous le contrôle du promoteur du gène de la 3-hydroxy-3-méthyl-glutaryl-coenzyme-A-réductase (HMGCR), en aval de la séquence signal du SV40 polyA. On obtient ainsi le plasmide pHMG-ETA-S.

35

25

De même, le plasmide pHMG-ETA-T est construit, de manière similaire, par insertion d'un fragment d'ADN BamHI-EcoRV issu du plasmide obtenu dans l'Exemple 1 B, paragraphe 2.

B. Préparation des lignées cellulaires.

Des cellules de la lignée cellulaire tumorale FR3T3-ras-1 obtenue à partir de fibroblastes de rats Fisher par Matriceau et al, EMBO J. (1985) 4: 1435 et de cellules de la lignée de carcinome mammaire de souris MM5t issue des souris C3H, sont cotransfectées (i) par pHMG-ETA-S et le plasmide pAG60 décrit dans Colbere-Garapin et al, J. Mol. Biol. (1981) 150: 1 qui comporte un gène de résistance à la Généticine (G418) ou (ii) par pHMG-ETA-T et pAG60. Pour effectuer la transfection, on utilise la méthode de précipitation au phosphate de calcium de Graham et al, Virology (1973) 52: 456 modifiée par Wigler et al, Cell (1978) 14: 725.

Les clones transfectés sont selectionnés en présence de 500 µl/ml de G418 et par la suite cultivés. La sélection des clones exprimant H23-ETA s'effectue par marquage des cellules à la péroxidase après réaction avec l'anticorps H23. Des lignées cellulaires à l'état pur sont obtenues par la méthode des dilutions limites et l'expression de H23-ETA est contrôlée.

Les lignées cellulaires sont prénommées comme suit :

FR3T3-ras-1 (pAG60/pHMG-ETA-S): F-S
FR3T3-ras-1 (pAG60/pHMG-ETA-T): F-T
FR3T3-ras-1 (pAG60/pHMG): F-C
MM5tC3H (pAG60/pHMG-ETA-S): M-S
MM5tC3H (pAG60/pHMG-ETA-S): M-T
MM5tC3H (pAG60/pHMG-ETA-S): M-C

25

Exemple 4: Mise en évidence de l'effet vaccinal de H23-ETA.

Des rats mâles et femelles de la lignée IOPS Fisher et des souris femelles de la lignée C3H agés de 4 à 5 semaines sont immunisés de la façon suivante : une préparation virale purifiée de VV-ETA-S, VV-ETA-T ou VV-O est administrée aux animaux, par scarification de la queue, sous un volume de 10 µl correspondant à environ 2.107 pfu. Ce traitement est répété 10 jours après.

Les lignées tumorales F-S, F-T, F-C, M-S, M-T et M-C sont cultivées dans un milieu Dulbecco modifié (Gibco) supplémenté avec 10% de sérum de veau foetal, 100 unités de pénicilline et 100 µg/ml de streptomycine. Les cultures sont ensuite traitées à la trypsine, lavées, et suspendues en tampon PBS (phosphate buffered saline).

14 jours après la première étape d'immunisation, 2.10⁴ cellules F-C, 4.10⁴ cellules F-S, 1.5 10⁵ cellules F-T ou 2.10⁶ M-C, M-S ou M-T sont injectées à un animal

de manière sous-cutanée, sous un volume de 100 µl.

L'apparition des tumeurs sous-cutanées est contrôlée quotidiennement. Le diamètre des tumeurs est mesuré en deux dimensions. Les données complètes de l'expérience et les résultats sont présentés dans le tableau I ci-dessous :

Tableau I

| Azimal | Virus | Cellules tumorales | Nombre d'animaux présentant un nodule tumoral par rapport au nombre total d'animaux traités | Diamètre moyen des nodules tumoraux (en mm) mesuré x jours après l'injection des cellules | Pourcentage d'animaux exempts de tumeurs |
|---|----------|-----------------------|---|---|--|
| | | F-C F-S F-T | 4/4 3/4 3/6 | 31 (20 jours) 25 (25 jours) 25 (30 jours) | 0 25 50 |
| | VV-ETA-S | F-C F-S F-T | 8/8 3/6 1/8 | 40 (20 jours) 7,5 (25 jours) 0,87 (30 jours) | 0 · 62,5 87,5 |
| Rats måles de la lignée Fisher | VV-ETA-T | F-C F-S F-T | 8/8 1/8 0/8 | 32 (20 jours) 0,38 (25 jours) 0 (30 jours) | 0 87,5 100 |
| | | F-S F-T | 10/10 10/10 | 11.2 (20 jours) 25 (20 jours) | 0 |
| | VV-ETA-S | F-S F-T | 9/10 9/10 | 16 (20 jours) 30 (20 jours) | 10 10 |
| | VV-ETA-T | F-S F-T | 5/10 5/10 | 1,7 (20 jours) 2,8 (20 jours) | 50 50 |
| | VV-0 | F-S F-T | 10/10 10/10 | 19,6 (20 jours) 28 (20 jours) | 0 |
| Rats femelies de la lignée Fisher | VV-ETA-S | F-S F-T | 8/10 9/9 | 10,6 (20 jours) 33,8 (20 jours) | . 20 0 |
| | VV-ETA-T | F-S F-T | 5/10 1/10 | 0,1 (25 jours) | 50 90 |

Le tableau I montre que, lorsque les animaux sont soumis à une infection par F-S ou F-T, la fréquence d'apparition des tumeurs dans un lot d'animaux préalablement traités 20 à l'aide du virus de la vaccine VV-ETA-S ou VV-ETA-T est moins élevée que dans les lots d'animaux non traités ou traités avec un virus de la vaccine VV-O. D'autre part, la taille des nodules tumoraux qui apparaissent chez des animaux préalablement traités avec VV-ETA-S ou VV-ETA-T est beaucoup plus petite que celle des nodules tumoraux

15

observés chez les animaux non traités ou traités avec VV-O.

L'immunisation à l'aide de VV-ETA-S ou VV-ETA-T n'est efficace que dans le cas des tumeurs induites par des cellules exprimant la forme sécrétée ou transmembranaire de H23-ETA. L'effet vaccinal des virus est donc bien spécifique.

Enfin, il semble que l'effet vaccinal de VV-ETA-T soit supérieur à celui de VV-ETA-S, quelle que soit la forme de H23-ETA exprimée par les cellules induisant les tumeurs.

10

Exemple 5: Mise en évidence de l'effet curatif de H23-ETA.

Des rats de la lignée Fisher sont infectés par des cellules tumorales, tel que décrit dans l'Exemple 4. Dès l'apparition des tumeurs (10 à 15 jours après), on procède au traitement à l'aide des préparations virales, tel que décrit dans l'Exemple 4.

Les données et résultats de l'expérience sont présentés dans le tableau II ci-dessous :

20

Tableau II

| Virus | Cellules | podule tumo | sux présentant un ral par rapport d'animaux traités | Diamètre moyen des des tumeurs mesuré (en mm) | | |
|----------|------------|-------------------------------|---|---|-------------------------------|--|
| | tumorales | 25 jours après l'injection | 50 jours après l'injection | 25 jours après l'injection | 50 jours après l'injection | |
| VV-0 | F-S F-T | 10/10 10/10 | 10/10 10/10 | 27.8 27.7 | tous morts | |
| VV-ETA-S | F-S F-T | 10/10 9/10 | 10/10 7/10 | 31.5 15.5 | tous marts 8.5 | |
| VV-ETA-T | F-S F-T | 9/10 7/10 | 10/10 7/10 | 26.8 11.6 | 50.2 9.4 | |

25

Le Tableau II montre que le traitement d'une infection par VV-ETA-S ou VV-ETA-T a une incidence favorable sur la fréquence d'apparition et la taille des tumeurs par rapport au test contrôle. D'autre part, il semble que VV-ETA-T soit plus efficace que 30 VV-ETA-S.

- 15-

IDENTIFICATEUR DE SEQUENCE N° 1

La forme transmembranaire de l'antigène H23-ETA Objet:

Séquence d'un fragment d'ADN et la séquence d'acides aminés Type de séquence:

correspondante

ADN complémentaire 5 Type de molécule:

Lignée de carcinome mammaire T47D Origine:

Caractèristiques du fragment d'ADN complet:

Fragment EcoRI-Ball

Séquence codante: du nucléotide 58 au nucléotide 1362+(60xn)

10 Caractèristiques de la séquence en acides aminés:

Peptide signal: de l'a.a. -21 à l'a.a. -1

Forme mature: de l'a.a. 1 à l'a.a. 414*, * signifiant $[+(20x\underline{n})]$ dans lequel \underline{n} est un

nombre de 1 à 80

Séquence répétée: Telle que montrée encadrée ci-dessous, dans laquelle X1 et X2 sont

indépendamment Pro ou Ala et Y est Thr ou Asn 15

Ser Ala Thr Gln Arg Ser Ser Val Pro Ser Ser Thr Glu

20

| GAATTCC | .16 (| 7 0100 | | | | | | | | | | _ |
|--------------------|-------|---------------|-------|-----|------|-----|------|-------|------|-----|-----|-----|
| CACCACC | a ጥር | ACA. | CCG | GGC | ACC | CAG | TCT | CCT | TTC | TTC | CTG | . 9 |
| weenee | Met | Thr | Pro | Glv | Thr | Gln | Ser | Pro | Phe | Phe | Leu | |
| | | -20 | | | | | -15 | | | | | |
| | | | | | amm. | 202 | CTT | CTT | ACA | GGT | TCT | 12 |
| TG CTG | CTC | CTC | ACA | GTG | CTT | ACA | 11-1 | tra 1 | Thr. | Glv | Ser | |
| Leu Leu | Leu | Leu | Thr | Val | Leu | The | AgT | AGI | 1111 | GIJ | | |
| -10 | | | | -5 | | | | -1 | 1 | | | |
| GGT CAT | | N.C.C | ጥሮጥ | acc | CCA | GGT | GGA | GAA | AAG | GAG | ACT | 10 |
| GGT CAT Gly Bis | GUN | AGC | 701 | ML- | Dro | Glv | Glv | Glu | Lys | Glu | Thr | |
| Gly Bis | Ala | Ser | Ser | THE | 110 | GLy | 4-7 | | -4 | 15 | | |
| 5 | | | | | 10 | | | | | | | |
| TCG GCI | 3 300 | CAG | | AGT | TCA | GTG | ccc | AGC | TCT | ACT | GAG | 2 |
| TCG GC1 | , ACC | . CAG | - MON | | | 1 | 5 | | COT | ጥከተ | Glu | |

25

| AAG Lys 30 | | GCT Ala | GTG Val | AGT Ser | ATG Met 35 | Thr | AGC Ser | AGC Ser | GTA Val | CTC Leu 40 | Ser | AGC Ser | | 246 |
|------------------|------------|------------|------------|------------------|------------------|------------|------------------|------------|------------------|------------------|------------|------------------|-------|--------|
| CAC His | AGC Ser | Pro 45 | Gly | TCA Ser | GGC Gly | TCC Ser | TCC Ser 50 | Thr | ACT Thr | CAG Gln | GGA Gly | CAG Gln 55 | | 285 |
| Asp | GTC Val | Thr | CTG Leu | GCC Ala 60 | CCG Pro | GCC Ala | ACG Thr | GAA Glu | CCA Pro 65 | Ala | TCA Ser | GGT Gly | | 324 |
| | PvuI | _ | | | | | | | | | | | | |
| TCA | GCT | GCC | ACC | TGG | GGA | CAG | GAT | GTC | ACC | TCG | GTC | CCA | | 363 |
| ser | Ala 70 | Ala | Thr | Trp | Gly | Gln 75 | Asp | Val | Thr | Ser | Val 80 | | | |
| GTC | ACC | AGG | CCA | GCC | CTG | GGC | TCC | ACC | ACC | CCG | CCA | GCC | | 402 |
| Val | Thr | Arg | Pro | Ala | Leu | Gly | Ser | Thr | Thr | Pro | Pro | Ala | | 402 |
| | | | 85 | | | | | 90 | | | | | | |
| | | | | | | | | | | | | | | |
| CAC | GAT | GTC | ACC | TCA | GCC | CCG | GAC | AAC | AAG | CCA | GCC | CCG | | |
| | Asp | Val | Thr | Ser | | Pro | Asp | Asn | Lys | Pro | Ala | Pro | | |
| 95 | | | | | 100 | | | | | 105 | 1 | | | |
| | | | | | | | | | | | | | | |
| GGC | TCC | ACC | CCC | ccc | ~~~ | ccc | 020 | CCM | ama. | | | | | |
| Glv | Ser | Thr | Ala | Pro | AAA Y | Ala | Hie | Clu | GTC V-1 | ACC | TCG | GCC | | |
| | | | | | <u></u> | 710 | птэ | GIY | AGT | Thi | ser | AIG | | |
| | | | | | | | | | | | | | | |
| | | | · | | | | | | | | | | | |
| CCG | GAC | ууу | AGG | CCG | XXX | TTG | GGC | TCC | ACC | GCC | CCT | CCA | 459 + | (60xn) |
| Pro | Asp | Y | Arg | Pro | X, | Leu | Gly | Ser | Thr | Ala | Pro | Pro | | (|
| | | | | | | n | | | 110 | * | | | | |
| 6 50 | | | | | | | | | | | | | | • |
| GTC | CAC | AAT | GTC | ACC | TCG | GCC | TCA | GGC | TCT | GCA | TCA | GGC | 498 + | (60xn) |
| AGI | His 115 | | Val | The | ser | | | GIĀ | Ser | Ala | | _ | | |
| | 140 | - | | | | 1201 | • | | | | 125 | * | | |
| TCA | GCT | TCT | ACT | CTG | GTG | CAC | AAC | CCC | ACC | ጥሮጥ | CCC | ACC | 537 ± | 160mm |
| Ser | Ala | Ser | Thr | Leu | Val | His | Asn | Glv | Thr | Ser | Ala | Ara | 337 T | (60xn) |
| | | | 1304 | | | | | 135 | | | | 9 | | |
| | | | | | | | | | | | | | | |
| GCT | ACC | ACA | ACC | CCA | GCC | AGC | AAG | AGC | ACT | CCA | CCC | AGC | 576 + | (60xn) |
| Ala | Thr | | | | | | | | | | | | | , / |
| 140 | ł | | | | 145* | | | | | 1504 | | | | |
| | | | | | | | | | | | | • | | |
| ATT | CCC | AGC | CAC | CAC | TCT | GAT | ACT | CCT | ACC | ACC | CTT | GCC | 615 + | (60xn) |
| TTG | Pro | ser | B18 | His | Ser | | | | Thr | Thr | Leu | | | |
| | | 155* | r | | | | 160* | | | | | 165* | | |
| | | | | | | | | | | | | | | |

-17 -

| AGC CAT AGC ACC AAG ACT GAT GCC AGT AGC ACT CAC CAT Ser His Ser Thr Lys Thr Asp Ala Ser Ser Thr His His 170* 175* | 654 + (60xn) |
|--|---------------|
| AGC ACG GTA CCT CCT CTC ACC TCC TCC AAT CAC AGC ACT Ser Thr Val Pro Pro Leu Thr Ser Ser Asn His Ser Thr 180* 185* 190* | 693 + (60xn) |
| TCT CCC CAG TTG TCT ACT GGG GTC TCT TTC TTT TTC CTG Ser Pro Gln Leu Ser Thr Gly Val Ser Phe Phe Leu 195* 200* | 732 + (60xn) |
| TCT TTT CAC ATT TCA AAC CTC CAG TTT AAT TCC TCT CTG Ser Phe His Ile Ser Asn Leu Gln Phe Asn Ser Ser Leu 205* 210* 215* | 771 + (60xn) |
| GAA GAT CCC AGC ACC GAC TAC TAC CAA GAG CTG CAG AGA Glu Asp Pro Ser Thr Asp Tyr Tyr Gln Glu Leu Gln Arg 220* 225* 230* | 810 + (60xn) |
| GAC ATT TCT GAA ATG TTT TTG CAG ATT TAT AAA CAA GGG Asp Ile Ser Glu Met Phe Leu Gln Ile Tyr Lys Gln Gly 235* 240* | 849 + (60xn) |
| GGT TTT CTG GGC CTC TCC AAT ATT AAG TTC AGG CCA GGA5 Gly Phe Leu Gly Leu Ser Asn Ile Lys Phe Arg Pro Gly 245* 250* 255* | 888 + (60xn) |
| TCT GTG GTG GTA CAA TTG ACT CTG GCC TTC CGA GAA GGT Ser Val Val Val Gln Leu Thr Leu Ala Phe Arg Glu Gly 260* 265* | 927 + (60xn) |
| ACC ATC AAT GTC CAC GAC GTG GAG ACA CAG TTC AAT CAG Thr Ile Asn Val His Asp Val Glu Thr Gln Phe Asn Gln 270* 280* | 966 + (60xn) |
| TAT AAA ACG GAA GCA GCC TCT CGA TAT AAC CTG ACG ATC Tyr Lys Thr Glu Ala Ala Ser Arg Tyr Asn Leu Thr Ile 285* 290* 295* | 1005 + (60xn) |
| TCA GAC GTC AGC GTG AGT CAT GTG CCA TTT CCT TCT Ser Asp Val Ser Val Ser His Val Pro Phe Pro Phe Ser 300* 305* | 1044 + (60xn) |
| GCC CAG TCT GGG GCT GGG GTG CCA GGC TGG GGC ATC GCG Ala Gln Ser Gly Ala Gly Val Pro Gly Trp Gly Ile Ala 310* 315* 320* | 1083 + (60xn) |
| CTG CTG GTG CTG GTC TGT GTT CTG GTT GCG CTG GCC ATT Leu Leu Val Leu Val Cys Val Leu Val Ala Leu Ala Ile 325* 330* | 1122 + (60xn) |

| Va | | Tyr | | | | | Ala | | | | | Arg | CGA Arg | 1161 | + | (60×n) |
|----|----|-----|------------|-----|-------|---------------|------------|-------|-------|------|------------------------|----------|--------------------|------|---|--------|
| | | - | | Gly | | | GAC Asp | | Phe | | | | GAT Asp 360* | 1200 | + | (60xn) |
| | | | | | | Ser | GAG Glu | | | | Tyr | | ACC Thr | 1239 | + | (60xn) |
| | Ĺs | Gly | Arg | | GTG | ccc | CCT Pro | Ser | | ACC | GAT | | Ser | 1278 | + | (60xn) |
| | cc | | GAG | Lys | Val | | GCA | GGT | Asn | Gly | | AGC | AGC Ser | 1317 | + | (60xn) |
| | | | | | AÁC | | | | | GCC | | | GCC Ala | 1356 | + | (60xn) |
| A | | TTG | TAG Ter | GGG | CACG! | 405; rcg (| CCT | CTGA(| SC TO | SAGT | 410 ¹ GG | k | | 1392 | + | (60xn) |

WO 92/07000 PCT/FR91/00835

- 19-

IDENTIFICATEUR DE SEQUENCE N° 2

5 Objet: La forme soluble de l'antigène H23-ETA

Type de séquence: Séquence d'un fragment d'ADN et la séquence d'acides aminés

correspondante

5 Type de molécule: ADN complémentaire

Origine: Lignée de carcinome mammaire T47D

Caractèristiques du fragment d'ADN complet:

Fragment EcoRI-PvuII

20

15

Séquence codante: du nucléotide 58 au nucléotide 858+(60xn)

10 Caractéristiques de la séquence en acides aminés:

Peptide signal: de l'a.a. -21 à l'a.a. -1

Forme mature: de l'a.a. 1 à l'a.a. 246*, * signifiant [+(20xn)] dans lequel n est un

nombre de 1 à 80

Séquence répétée: Telle que montrée encadrée ci-dessous, dans laquelle X₁ et X₂ sont

indépendamment Pro ou Ala et Y est Thr ou Asn

| GAATTCCCTG GCTGCTTGAA TCTGTTCTGC CCCCTCCCCA CCCATTTCA | AC 50 |
|---|-------|
| CACCACC ATG ACA CCG GGC ACC CAG TCT CCT TTC TTC CTG Met Thr Pro Gly Thr Gln Ser Pro Phe Phe Leu -21 -20 -15 | 90 |
| CTG CTG CTC CTC ACA GTG CTT ACA GTT GTT ACA GGT TCT Leu Leu Leu Leu Thr Val Leu Thr Val Val Thr Gly Ser -10 -5 -1 1 | 129 |
| GGT CAT GCA AGC TCT ACC CCA GGT GGA GAA AAG GAG ACT Gly His Ala Ser Ser Thr Pro Gly Gly Glu Lys Glu Thr 5 10 | 168 |
| TCG GCT ACC CAG AGA AGT TCA GTG CCC AGC TCT ACT GAG Ser Ala Thr Gln Arg Ser Ser Val Pro Ser Ser Thr Glu | 207 |

25

| AAG AAT Lys Asn 30 | | | | | | | | | | Ser | | | 246 |
|--|--|--|--|--|--|--|---|---|---|---|--|-------------------------|------------------|
| CAC AGC His Ser | | | | | | | Thr | | | | | | 285 |
| GAT GTC Asp Val | Thr | | | | | | | | Ala | | | | 324 |
| PvuI | | | | | | | • | | | | | | |
| TCA GCT | | | | | | | | | | | | | 363 |
| Ser Ala 70 | | Thr | Trp | Gly | Gln 75 | Asp | Val | Thr | Ser | Val 80 | | | |
| GTC ACC | AGG | CCA | GCC | CTG | GGC | TCC | ACC | ACC | CCG | CCA | GCC | | 402 |
| Val Thr | | | | | | | | | | | _ | | |
| | | 85 | | | _ | | 90 | | | | | | |
| | | | | | | | | | | | | | |
| CAC GAT | | | | | | | | | | | | | |
| His Asp | Val | Thr | Ser | | Pro | Asp | Asn | Lys | Pro | Ala | Pro | | |
| 95 | | | | 100 | | | | | 105 | | | | |
| | | | | | | | | | | | | | |
| GGC TCC | 300 | ccc | 000 | | CCC | C3.0 | COM | CMC | 200 | maa. | | | |
| GGC ICC | ACC | GCC | | XXX | GCC | CAC | GGT | GIC | ACC | TUG | GUU | | |
| Gly Ser | ሞክ ተ | A1 - | Dro | ¥ | 11 | wi. | | | | | | | |
| Gly Ser | Thr | Ala | Pro | X ₁ | Ala | His | | | | | | | |
| Gly Ser | Thr | Ala | Pro | X ₁ | Ala | His | | | | | | | |
| CCG GAC | | | | | | | Gly | Val | Thr | Ser | Ala | 459 + | (60xn) |
| | ууу | AGG | CCG | xxx | TTG | GGC | Gly TCC | Val ACC | Thr | Ser | CCA | 459 + | (60xn) |
| CCG GAC | ууу | AGG | CCG | xxx | TTG Leu | GGC | Gly TCC | Val ACC | GCC Ala | Ser | CCA | 459 + | (60xn) |
| CCG GAC | ууу | AGG Arg | CCG Pro | XXX [| TTG Leu n | GGC Gly | TCC Ser | ACC Thr 110 | GCC Ala | Ser CCT Pro | CCA Pro | 459 + | (60xn) |
| CCG GAC Pro Asp | ууу Ү ААТ | AGG Arg | CCG Pro | XXX X2 TCG | TTG Leu n GCC | GGC Gly TCA | TCC Ser | ACC Thr 110 | GCC Ala | Ser CCT Pro | CCA Pro | 459 + 498 + | |
| CCG GAC Pro Asp GTC CAC Val His | YYY Y AAT Asn | AGG Arg | CCG Pro | XXX X2 TCG | TTG Leu n GCC Ala | GGC Gly TCA Ser | TCC Ser | ACC Thr 110 | GCC Ala | Ser CCT Pro TCA Ser | CCA Pro | | |
| CCG GAC Pro Asp | YYY Y AAT Asn | AGG Arg | CCG Pro | XXX X2 TCG | TTG Leu n GCC | GGC Gly TCA Ser | TCC Ser | ACC Thr 110 | GCC Ala | Ser CCT Pro | CCA Pro | | |
| CCG GAC Pro Asp GTC CAC Val His | YYY Y AAT ABD | AGG Arg GTC Val | CCG Pro ACC Thr | xxx X2 | TTG Leu n GCC Ala 120 | GGC Gly TCA Ser | TCC Ser GGC Gly | ACC Thr 110 TCT ser | GCC Ala * GCA Ala | CCT Pro TCA Ser 125 | CCA Pro GGC Gly | 498 + | (60xn) |
| GTC CAC Val His 115 | YYY Y AAT ABD | AGG Arg GTC Val | CCG Pro ACC Thr | XXX X ₂ TCG Ser | TTG Leu n GCC Ala 120 | GGC Gly TCA Ser | TCC Ser GGC Gly | ACC Thr 110 TCT ser | GCC Ala GCA Ala TCT | CCT Pro TCA Ser 125 | CCA Pro GGC Gly | | (60xn) |
| CCG GAC Pro Asp GTC CAC Val His | YYY Y AAT ABD | AGG Arg GTC Val | CCG Pro ACC Thr | XXX X ₂ TCG Ser | TTG Leu n GCC Ala 120 | GGC Gly TCA Ser | TCC Ser GGC Gly GGC Gly | ACC Thr 110 TCT Ser | GCC Ala GCA Ala TCT | CCT Pro TCA Ser 125 | CCA Pro GGC Gly | 498 + | (60xn) |
| GTC CAC Val His 115 | YYY Y AAT ABD | AGG Arg GTC Val | CCG Pro ACC Thr | XXX X ₂ TCG Ser | TTG Leu n GCC Ala 120 | GGC Gly TCA Ser | TCC Ser GGC Gly | ACC Thr 110 TCT Ser | GCC Ala GCA Ala TCT | CCT Pro TCA Ser 125 | CCA Pro GGC Gly | 498 + | (60xn) |
| GTC CAC Val His 115 | YYY Y AAT Asn * TCT Ser | AGG Arg GTC Val ACT Thr 130 | CCG Pro ACC Thr | TCG Ser GTG Val | TTG Leu n GCC Ala 120 CAC | GGC Gly TCA Ser | Gly TCC Ser GCC Gly GGC Gly 135 | ACC Thr 110 TCT Ser | GCC Ala GCA Ala TCT Ser | CCT Pro TCA Ser 125 GCC Ala | CCA Pro GGC Gly * AGG Arg | 498 + · | (60xn) |
| GTC CAC Val His 115 | YYY Y AAT ABN * TCT Ser | AGG Arg GTC Val ACT Thr 130* | CCG Pro ACC Thr CTG Leu | TCG Ser GTG Val | TTG Leu n GCC Ala 120 CAC His | GGC Gly TCA Ser * AAC ABn | TCC Ser GGC Gly GGC Gly 135 | ACC Thr 110 TCT Ser ACC Thr | GCC Ala GCA Ala TCT Ser CCA | CCT Pro TCA Ser 125 GCC Ala | Ala CCA Pro GGC Gly * AGG Arg | 498 + | (60xn) |
| GTC CAC Val His 115 TCA GCT Ser Ala | YYY Y AAT ABN * TCT Ser | AGG Arg GTC Val ACT Thr 130* | CCG Pro ACC Thr CTG Leu | TCG Ser GTG Val | TTG Leu n GCC Ala 120 CAC His | GGC Gly TCA Ser * AAC ABn | TCC Ser GGC Gly GGC Gly 135 | ACC Thr 110 TCT Ser ACC Thr | GCC Ala GCA Ala TCT Ser CCA | CCT Pro TCA Ser 125 GCC Ala | Ala CCA Pro GGC Gly * AGG Arg | 498 + · | (60xn) |
| GTC CAC Val His 115 TCA GCT Ser Ala | YYY Y AAT ABN * TCT Ser | AGG Arg GTC Val ACT Thr 130* | CCG Pro ACC Thr CTG Leu | XXX X2 | TTG Leu n GCC Ala 120 CAC His | GGC Gly TCA Ser * AAC ABn | TCC Ser GGC Gly GGC Gly 135 | ACC Thr 110 TCT Ser ACC Thr | GCC Ala GCA Ala TCT Ser CCA Pro | CCT Pro TCA Ser 125 GCC Ala | Ala CCA Pro GGC Gly * AGG Arg | 498 + · | (60xn) |
| GTC CAC Val His 115 TCA GCT Ser Ala | YYY Y AAT ABN TCT Ser ACA Thr | AGG Arg GTC Val ACT Thr 1304 ACC | CCG Pro ACC Thr CTG Leu CCA Pro | TCG Ser GTG Val GCC Ala 145 | TTG Leu n GCC Ala 120 CAC His | GGC Gly TCA Ser * AAC ASn AAG Lys | Gly TCC Ser GGC Gly 135 AGC Ser | ACC Thr 110 TCT Ser ACC Thr | GCC Ala GCA Ala TCT Ser CCA Pro | CCT Pro TCA Ser 125 GCC Ala TTC Phe | CCA Pro GGC Gly * AGG Arg | 498 + · | (60xn) |
| GTC CAC Val His 115 TCA GCT Ser Ala GCT ACC Ala Thr 140* | YYY Y AAT ABN * TCT Ser ACA Thr | AGG Arg GTC Val ACT Thr 130* ACC Thr | CCG Pro ACC Thr CTG Leu CCA Pro | TCG Ser GTG Val GCC Ala 145 | TTG Leu n GCC Ala 120 CAC His | GGC Gly TCA Ser * AAC Asn AAG Lys | Gly GGC Gly 135 AGC Ser | ACC Thr 110 TCT Ser ACC Thr Thr ACC | GCC Ala GCA Ala TCT Ser CCA Pro 150 ACC | CCT Pro TCA Ser 125 GCC Ala TTC Phe | CCA Pro GGC Gly * AGG Arg | 498 + 537 + 576 + | (60xn) |
| GTC CAC Val His 115 TCA GCT Ser Ala GCT ACC Ala Thr 140* ATT CCC | YYY Y AAT ABN * TCT Ser ACA Thr | AGG Arg GTC Val ACT Thr 130* ACC Thr | CCG Pro ACC Thr CTG Leu CCA Pro | TCG Ser GTG Val GCC Ala 145 | TTG Leu n GCC Ala 120 CAC His | GGC Gly TCA Ser * AAC Asn AAG Lys | Gly TCC Ser GGC Gly 135 AGC Ser CCT Pro | ACC Thr 110 TCT Ser ACC Thr Thr ACC | GCC Ala GCA Ala TCT Ser CCA Pro 150 ACC | CCT Pro TCA Ser 125 GCC Ala TTC Phe | CCA Pro GGC Gly * AGG Arg | 498 + | (60xn) |
| GTC CAC Val His 115 TCA GCT Ser Ala GCT ACC Ala Thr 140* ATT CCC Ile Pro | YYY Y AAT ABN TCT Ser ACA Thr AGC Ser 155* | AGG Arg GTC Val ACT Thr 130* ACC Thr | CCG Pro ACC Thr CTG Leu CCA Pro | TCG Ser GTG Val GCC Ala 145 | TTG Leu n GCC Ala 120 CAC His AGC Ser | GGC Gly TCA Ser * AAC Asn AAG Lys | Gly GGC Gly GGC Gly 135 AGC Ser CCT Pro | ACC Thr 110 TCT Ser ACC Thr Thr ACT Thr | GCC Ala GCA Ala TCT Ser CCA Pro 150 ACC Thr | CCT Pro TCA Ser 125 GCC Ala TTC Phe | CCA Pro GGC Gly AGG Arg TCA Ser GCC Ala 165* | 498 + | (60xn) |
| GTC CAC Val His 115 TCA GCT Ser Ala GCT ACC Ala Thr 140* ATT CCC | YYY Y AAT ABN TCT Ser ACA Thr AGC Ser 155* | AGG Arg GTC Val ACT Thr 130* ACC Thr | CCG Pro ACC Thr CTG Leu CCA Pro | TCG Ser GTG Val GCC Ala 145: TCT Ser | TTG Leu n GCC Ala 120 CAC His AGC Ser GAT Asp | GGC Gly TCA Ser * AAC Asn AAG Lys ACT Thr 160 | Gly GGC Gly GGC Gly 135 AGC Ser CCT Pro | ACC Thr 110 TCT Ser ACC Thr Thr ACC Thr | GCC Ala GCA Ala TCT Ser CCA Pro 150 ACC Thr | CCT Pro TCA Ser 125 GCC Ala TTC Phe | CCA Pro GGC Gly AGG Arg TCA Ser GCC Ala 165* | 498 + | (60xn) (60xn) |

- 21 -

| AGC ACG GTA CCT CCT CTC ACC TCC TCC AAT CAC AGC ACT Ser Thr Val Pro Pro Leu Thr Ser Ser Asn His Ser Thr 180* TCT CCC CAG TTG TCT ACT GGG GTC TCT TTC TTT TCC CTG Ser Pro Gin Leu Ser Thr Gly Val Ser Phe Phe Phe Leu 195* TCT TCT CAC AAT TCA AAC CTC CAG TTT AAT TCC TCT CTG Ser Phe His Ile Ser Asn Leu Gin Phe Asn Ser Ser Leu 205* GAA GAT CCC AGC ACC GAC TAC TAC CAA GAG CTG CAG AGA GIN Asp Pro Ser Thr Asp Tyr Tyr Gin Gin Leu Gin Arg 220* GAC ATT TCT GAA ATG GTG AGT ATC GGC CTT TCC TCC CC Asp Ile Ser Glu Met Val Ser Ile Gly Leu Ser Phe Pro 235* CATCAAGCCT GAGTCCTTC CCTCCACCC CAGTTTTCC TCC CC AGAGACCCT GAGTCCACT AGGACCGGT TGC TACAGTCCT AGAGAGGGGT TTTCTGGGCC TCTCCAATAT TAAGTTCAGG TACAGTCCT AGAGAGGGGT TTTCTGGGCC TCTCCAATAT TAAGTTCAGG TACAGTCTCG GGTGTGACC CAGTGTAGT GCTTCCACC CAGTTTTCC TCC CC AGAGACCT GAGTCCATTA AGGTTGGGG GAAGAGTCCT TGCTCACCC TGGGACCCGT GGCTGAAGTG CCCATTCCC TCTGACCAG CCAGGACTCT TGGGGACCGT GGTCGACTT AAGGTTGGGG GAAGAGTCCT TAGACCACC TGGGACCCGT GGCTGAAGTG CCCATTCCC TCTGACCAG CCAGGACTCT TGGGGACCGT GGTCGACTT AAGGTTGGGG GAAGAGTCCT TAGACCACC TGGGACCCGT GCCTGAACAG CCCATTCCC TGGTCACAG CCAGGACTCT TGGGGACCGT GGCTGAAGTG CCCATTCCC TGTGACCAG CCAGGACTCT TGGGGACCACA TCCAGGACT TCAGCGGTGA GCCTTCCACCAC TAGACCACC TAACCTCACAC ATCCACACC TCAGACGTGA GCCTTCCACCAC TAGACCACCCT TAGACCACC TAGACCACCAC TCCAGGACTCT TCCATCACCAC TAGACCACCAC TCCAGGACCAC TCCCAGGACCAC TCCCAGGACC | 170* 175* | • |
|--|---|--|
| Ser Thr Val Pro Pro Leu Thr Ser Ser Asn His Ser Thr 180* 185* 190* TCT CCC CAG TTG TCT ACT GGG GTC TCT TTC TTT TTC CTG Ser Pro Gln Leu Ser Thr Gly Val Ser Phe Phe Phe Leu 195* 200* TCT TTT CAC ATT TCA AAC CTC CAG TTT AAT TCC TCT CTG 771 + (60xn) Ser Phe His Ile Ser Asn Leu Gln Phe Asn Ser Ser Leu 205* 210* CAA GAT CCC AGC ACC GAC TAC TAC CAA GAG CTG CAG AGA Glu Asp Pro Ser Thr Asp Tyr Tyr Gln Glu Leu Gln Arg 220* CAC ATT TCT GAA ATG GTG AGT AGT AGC GGC CTT TCC TCC CC Asp Ile Ser Glu Met Val Ser Ile Gly Leu Ser Phe Pro 235* ATG CTC CCC TGA AGCAGCCATC AGAACTGTCC ACACCCTTTG ACACAGCCT GAGTCCTTC CCTCTCACCC CAGTTTTTGC AGATTTATAA ACAAGGGGGT TTTCTGGGC TCTCCAATAT TAAGTTCAG TACAGTTCTG GGTGTGGACC CAGTGTGGG GTAGAGGGT TGGGTGGTG TCATGACCGT AGGAGGACCT GGCCACTT AAGGTTGGGG GAAGAGTCGT GAGCCAGAGC CAGCAGGACCAT ATGACTCTG CCCTTCCAAGA AAGGAACTCT CAGACCATCTG GACGTGGAAC CAGTGTCGG CCCATTTCC TGCTGACCAC CAGACCATCG TGGGGACCAT ATGACTCTG CCCTTCCAATAA AACGGAAGCAG CCCAGGACCT TGGGGACCAT ATGACTCTG GCCTTCCCAATAA AACGGAAGCAG CCCAGCACCACCACCACCACCACCACCACCACCACCACCA | AGC ACG GTA CCT CCT CTC ACC TCC TCC AAT CAC AGC ACT | 693 + (60xn) |
| TCT CCC CAG TTG TCT ACT GGG GTC TCT TTC TTT TTC CTG Ser Pro Gln Leu Ser Thr Gly Val Ser Phe Phe Phe Leu 195* 200* TCT TTT CAC ATT TCA AAC CTC CAG TTT AAT TCC TCT CTG Ser Phe His Ile Ser Asn Leu Gln Phe Asn Ser Ser Leu 205* CAA GAT CCC AGC ACC GAC TAC TAC CAA GAG CTG CAG AGA Glu Asp Pro Ser Thr Asp Tyr Tyr Gln Glu Leu Gln Arg 220* CAC ATT TCT GAA ATG GTG AGT ATC GGC CTT TCC TCC CC ASP Ile Ser Glu Met Val Ser Ile Gly Leu Ser Phe Pro 235* ATG CTC CCC TGA AGCAGCCATC AGAACTGTCC ACACCCTTTG ACALGAGGCT GAGTCCTTTC CCTCTCACCC CAGTTTTTGC AGATTTATAA ACALGAGGGGT TTTCTGGGCC TCTCCAATAT TAAGTTCAGG TACAGTCTTG GGTGTGGACC CAGTGTGGTG GTTGGAGGGT TGGGTGGTGG TCATGACCT AGGAGGGACT GGTGGAGTG CCCATTTCC TTGGACAGG CCAGGACTG AGGAGGACCT GGCTGAAGTG CCCATTTCC TTGTGACCAGG CCAGGACTG 1091 + (60xn) AGCACTGAGAG CACAGTTCAA TCAGTATAAA ACCGAAGACTC CAAGACTCTG AGCACCAG GCTGAAGTG CCCATTTCCC TGTGACCAG CCAGGACTTG 1041 + (60xn) ACACGTGGAGA CACAGTTCAA TCAGTATAAA ACCGAAGACCAT CAATGTCCAC 1091 + (60xn) ACACTGCACCA ACTCACACC TCAGCGGAGAGC CCTCTCGATA 1141 + (60xn) CACACTGCAT TCCTCACACC CAGTCTTCC CTCTCACCC CAGGACTCTG 1141 + (60xn) ACACTGCACCA TGCCGGGCC CTCTCCAATG TCTTGACCAGG CCCAGGACCT 1141 + (60xn) ACACTGCACCA TGCCGGGCC CTCTCCTACCC CAGTCTTCC CTGGCTGCAG ACCCAGGACCA TCCCAGACG TCAGGGGTA GGCTACTTCC CTGGCTGCAG ACCCAGCACCA TGCCGGGCC CTCTCCTTC AGTCCTTCC TCTCTCCCC AGGCCCTGCT TTCCTTTAG TGAGTCATGT GCCATTTCCT TTCTCTCCC AGTCTTGGTT TTCCTTTTAG TGAGTCATGT CCCATTTCCT TTCTCTCCC AGTCCTTGCT TTCCTTTTAG TGAGTCATGT CCCATTTCCT TTCTCTCCC AGTCCTTGCT TCCTTTTAG TGAGTCATT TCCATTTCCT TTCTCTCCCC AGTCCTTGCC CTGATCAGAG ACCCCCGGT AGAGGCACT TGGTGTGTCC AGTCCTTGCT TTCCTTTTAG TGAGTCATT TCCATTTCCT TTCTCTCCCC AGTCCTTGCC CTGATCAGAC GCCACCCGGT AGAGGCACT TGCGTGTGCC AGTCCTTGCC CTGATCAGAC GCCACCCGGT AGAGGCACT TTCCTTTCCCC AGTCCTTGCC CTGATCAGAC GCCACCCGGT AGAGGCACT TCCATTGCCT AGTCCTTCCC TTCCTTCCC AGCCGGCA TCCACTCCT TGGTGATGCC AGTCCTTCCCC AGCCTGTT TCCTTTTCC TTCTCTCCCC AGTCCTTCCCC AGCCTGCC AGCCTGCT TCCATTCCCC TTCCTTCCCC AGTCCTCTCCC AGCCTGCC AGCCTGCT TCCATTCCCC TTCCT | Ser Thr Val Pro Pro Leu Thr Ser Ser Asn His Ser Thr | . (************************************ |
| Ser Pro Gln Leu Ser Thr Gly Val Ser Phe Phe Phe Leu 195* 200* TCT TTT CAC ATT TCA AAC CTC CAG TTT AAT TCC TCT CTG Ser Phe His Ile Ser Asn Leu Gln Phe Asn Ser Ser Leu 205* 210* 215* GAA GAT CCC AGC ACC GAC TAC TAC CAA GAG CTG CAG AGA GAU Asp Pro Ser Thr Asp Tyr Tyr Gln Glu Leu Gln Arg 220* 225* 230* GAC ATT TCT GAA ATG GTG AGT ATC GGC CTT TCC TTC CCC Asp Ile Ser Glu Met Val Ser Ile Gly Leu Ser Phe Pro 235* ATG CTC CCC TGA AGCAGCCATC AGAACTGTCC ACACCCTTTG Het Leu Pro Ter 245* CATCAAGCCT GAGTCCTTC CCTCTCACCC CAGTTTTTGC AGATTTATAA ACAAGGGGGT TTTCTGGGCC TCTCCAATAT TAAGTTCAGG TACAGTTCTG GGTGTGGACC CAGTGTGGTG GTTGGAGGGT TGGGTGGGG TCATGACCGT AGGAGGGACT GGTGCACTT AAGGTTGGG GAAGAGTCGT GAGCCAGACC 1091 + (60xn) TGGGTGGACA ATTGACTTG GCCTTCCGAG AAGGTACCAT CAATGTCCAC GACGGGAGA CACAGTTCAA TCAGTATAAA ACGGAAGCAG CCTCTGGATA TAACCTGAC ATTGACCTG GCCTTCCGAG AAGGTACCAT CAATGTCCAC GACGGGAGA CACAGTTCAA TCAGTATAAA ACGGAAGCAG CCTCTCGATA TAACCTGACG ATCCAGACG TCAGCGGTGA GGCTACTCC TI91 + (60xn) TGACCGACCA TGCCGGGCC CTCTCCTCCAC GAGGCCTCC TCGGTGCAG TCCCGGCTCT TTCCTTAGTG CTGGCACCG GAGGGGGCC CTCTCTCCAG AGTCCCCCTCTTC TTCCTTAGTG CTGGCACCG GAGGGGGCC CTCTCTCGAG GACCCCCCCTCT TTCCTTAGTG CTGGCACCG GAGGGGGCC TCCTCTTCCAG GACCCCCCCTCT TTCCTTAGTG CTGGCACCG GAGGGGGCC TCCTCTGGGA GACTCCCCTC TTCCTTAGTG CTGGCACCG GAGGGGGCC TCCTCTTCCAG GATGCCCTCC TTCCTTTAGT GTGGGTGCCA GGCTGGCCAGCC TCCTCTCCCCCCCTCT TTCCTTTAGT GTGGGTCCA GGCTGGCCA TCCCCGCTCT TTCCTCTCCC TTCCTTTAGT GTGGGTCCA GGCTGGCCA TCCCCGCTCT TTCCTTTAGT GTGGGTCCA GCCTGCTAT CCATTCCCT TTCTCTCCCC TACTCTCGC CCTGTCTCAT CCATTCCCT TTCTCTCCCC TGGTGTCTG TCCCTTTCA GCCCCGCTT TCCATTGCCT TTCTCTCCCC TGGTGTCTG TCCGTTGCCTAG TCCATTCCCT TTCTCTCCCC TGGTGTCTG TCCGTTGCCTAT CCATTGCCT TTCTCTCCCC TGGTGTCTG TTCCTTTTAG TGAGTCCTAT TCCATTGCCT TTCTCTCCCC TGGTGTCTG TCGCTTGCC CATTCTCTAT TCCATTGCCT TTCTTCTCCCC TTGTGTCTT TCCTTACCCC AGCCTGCT TACCCCCGCTT TCCATTGCCT TTCTCTCCCC TTCTTCCCC | 180* 185* 190* | · |
| Ser Pro Gln Leu Ser Thr Gly Val Ser Phe Phe Phe Leu 195* 200* TCT TTT CAC ATT TCA AAC CTC CAG TTT AAT TCC TCT CTG Ser Phe His Ile Ser Asn Leu Gln Phe Asn Ser Ser Leu 205* 210* 215* GAA GAT CCC AGC ACC GAC TAC TAC CAA GAG CTG CAG AGA GAU Asp Pro Ser Thr Asp Tyr Tyr Gln Glu Leu Gln Arg 220* 225* 230* GAC ATT TCT GAA ATG GTG AGT ATC GGC CTT TCC TTC CCC Asp Ile Ser Glu Met Val Ser Ile Gly Leu Ser Phe Pro 235* ATG CTC CCC TGA AGCAGCCATC AGAACTGTCC ACACCCTTTG Het Leu Pro Ter 245* CATCAAGCCT GAGTCCTTC CCTCTCACCC CAGTTTTTGC AGATTTATAA ACAAGGGGGT TTTCTGGGCC TCTCCAATAT TAAGTTCAGG TACAGTTCTG GGTGTGGACC CAGTGTGGTG GTTGGAGGGT TGGGTGGGG TCATGACCGT AGGAGGGACT GGTGCACTT AAGGTTGGG GAAGAGTCGT GAGCCAGACC 1091 + (60xn) TGGGTGGACA ATTGACTTG GCCTTCCGAG AAGGTACCAT CAATGTCCAC GACGGGAGA CACAGTTCAA TCAGTATAAA ACGGAAGCAG CCTCTGGATA TAACCTGAC ATTGACCTG GCCTTCCGAG AAGGTACCAT CAATGTCCAC GACGGGAGA CACAGTTCAA TCAGTATAAA ACGGAAGCAG CCTCTCGATA TAACCTGACG ATCCAGACG TCAGCGGTGA GGCTACTCC TI91 + (60xn) TGACCGACCA TGCCGGGCC CTCTCCTCCAC GAGGCCTCC TCGGTGCAG TCCCGGCTCT TTCCTTAGTG CTGGCACCG GAGGGGGCC CTCTCTCCAG AGTCCCCCTCTTC TTCCTTAGTG CTGGCACCG GAGGGGGCC CTCTCTCGAG GACCCCCCCTCT TTCCTTAGTG CTGGCACCG GAGGGGGCC TCCTCTTCCAG GACCCCCCCTCT TTCCTTAGTG CTGGCACCG GAGGGGGCC TCCTCTGGGA GACTCCCCTC TTCCTTAGTG CTGGCACCG GAGGGGGCC TCCTCTTCCAG GATGCCCTCC TTCCTTTAGT GTGGGTGCCA GGCTGGCCAGCC TCCTCTCCCCCCCTCT TTCCTTTAGT GTGGGTCCA GGCTGGCCA TCCCCGCTCT TTCCTCTCCC TTCCTTTAGT GTGGGTCCA GGCTGGCCA TCCCCGCTCT TTCCTTTAGT GTGGGTCCA GCCTGCTAT CCATTCCCT TTCTCTCCCC TACTCTCGC CCTGTCTCAT CCATTCCCT TTCTCTCCCC TGGTGTCTG TCCCTTTCA GCCCCGCTT TCCATTGCCT TTCTCTCCCC TGGTGTCTG TCCGTTGCCTAG TCCATTCCCT TTCTCTCCCC TGGTGTCTG TCCGTTGCCTAT CCATTGCCT TTCTCTCCCC TGGTGTCTG TTCCTTTTAG TGAGTCCTAT TCCATTGCCT TTCTCTCCCC TGGTGTCTG TCGCTTGCC CATTCTCTAT TCCATTGCCT TTCTTCTCCCC TTGTGTCTT TCCTTACCCC AGCCTGCT TACCCCCGCTT TCCATTGCCT TTCTCTCCCC TTCTTCCCC | | |
| TCT TTT CAC ATT TCA AAC CTC CAG TTT AAT TCC TCT CTG Ser Phe His Ile Ser Asn Leu Gln Phe Asn Ser Ser Leu 205* 210* 215* GAA GAT CCC AGC ACC GAC TAC TAC CAA GAG CTG CAG AGA GAU Asp Pro Ser Thr Asp Tyr Tyr Gln Glu Leu Gln Arg 220* 225* 230* GAC ATT TCT GAA ATG GTG AGT ATC GGC CTT TCC TCC CCC Asp Ile Ser Glu Met Val Ser Ile Gly Leu Ser Phe Pro 235* 240* ATG CTC CCC TGA AGCAGCCATC AGAACTGTCC ACACCCTTTG Met Leu Pro Ter 245* CATCAAGGCGT GAGTCCTTTC CCTCTCACCC CAGTTTTTGC AGATTTATAA ACAAGGGGGT TTTCTGGGCC TCTCCAATAT TAAGTTCAGG TCACAGTCCTG GGTGTGGAC CAGTGTGGTG GTTGGAGGGT TGGGTGGTG TCATGACCGT GGCTGGACC GAGTCCTTC AGAGTTCGC GAGAGTCTG GAGACCGT GAGACCGT GAGACCGT GAGACCGT GAGAGTCCT CACACCCT TGTGACCGT TAAGTTCAGC TCAGACCGT GAGAGCAGACC ATTGACCAGT CACACTCCATA ATTGACTCTC GCCTTCCAATAT CAGATATAAA ACGAACCAG CCAGGACCA TCCCACTA ATGACTCCT GAGAGTCCT GAGAGTCCT GACCAGAGC CACACTTCAA TCAGTATAAA ACGAACCAG CCAGGACCA TCCCAGACCA ATTGACCAG TCAGGCGGTA AGGTACCAT CAATGTCCAC TAACCTTCCAA TCAGTATAAA ACGAACCAG CCTCTCCATA TAACCTGAGC ATCTCAGACG TCAGGCGGTA GGCTACTTCC CTGGCTGCAG TCCCTGCATA TAACCTGAGC ATCTCAGACG TCAGGCGGTA GGCTACTTCC CTGGCTGCAG TCCCTGCATA TAACCTGAGAC ATCTCAGACG TCAGGCGTG GGCTACTTCC CTGGCTGCAG TCCCTGCATA TACACTTAGAT TAACCTGAGC TCAGGCGGG GAGGGGCCC TCCTCTCCTTCC TCGCCTCCATA TCCCTTCAGAC TCCCGCTCCT TAACCTTCC TCCCTTCCTTCC TCCCTCCTCCT TCCTTCCCC TAGGCGCT TTCCTTTTAG TGAGTCATG GCCATTCCT TTCTCTCCCC TAGTCCTC TTCCTTCCCC TAGGCTGCT TTCCTTTTAG TGAGTCATGT GCCATTCCT TTCTCTCCCC TGGTGGGTGC TAGGTGCCT TTCCTTTTAG TGAGTCATGT CTCATTCCT TTCTCTCCCC TGGTGGGTGC TAGGTGCCT TTCCTTTTAG TGAGTCATGT TCCATTCCT TTCTCTCCCC TGGTGGGTGC TAGATCCC TTCCTTCCTC TTCCTTCCCC TAGTCCTC TGGTGGGTGC TAGATCCCT TGGTGGTGCT TTCCTTTTAG TGAGTCAGA CCCCCCGGT AGAAGACCT CCATGGCCTG TAGTCCT TGGTGAGTGC TAGACCCCCCG TAGATCCC CTAGTCCTC TGGGTGGGCC TGGTGGGGCC CTGATTCCT TTCTCTCCCC TGGTGGGGCC TGGTGGGCC CTGATTCCC TAGAGCGCT TTCCTTTAG TGAGTGCCC CGAAAGAACT TCCATGGCCTC TAGCCTGC TAGCCCCCCG TAGGTCCCC CGA | | 732 + (60xn) |
| TCT TTT CAC ATT TCA AAC CTC CAG TTT AAT TCC TCT CTG Ser Phe His Ile Ser Asn Leu Gln Phe Asn Ser Ser Leu 205* CARC AGC ACC GAC TAC TAC CAA GAG CTG CAG AGA GAU Asp Pro Ser Thr Asp Tyr Tyr Gln Glu Leu Gln Arg 220* CAC ATT TCT GAA ATG GTG AGT ATC GGC CTT TCC TTC CCC Asp Ile Ser Glu Met Val Ser Ile Gly Leu Ser Phe Pro 235* ATG CTC CCC TGA AGCAGCCATC AGAACTGTCC ACACCCTTTG Net Leu Pro Ter 245* CATCAAGCCT GAGTCCTTTC CCTCTCACCC CAGTTTTTGC AGATTTATAA AGAAGGGGGT TTTCTGGGCC TCTCCAATAT TAAGTTCAGG TACAGTTCTG GGTGTGGACC CAGTGTGGTG GTTGGAGGGT TGGGTGGTG TCATGACCGT AGGAGGACT GGTCGCACT AAGGTTGGG GAAGAGTCGT GAGCCACAGC TGGGACCCGT GGCTGAAGTG CCCATTTCCC TGTGACCAG CCAGGATCTG TGGGACCCGT GGCTGAAGTG CCCATTCCC TGTGACCAG CCAGGATCTG TAACCTGACG ACCAGTTCAA TCAGTATAAA ACGAACCAG CCAGGATCTG TAACCTGACG ACCAGTCCAA TCAGGTGGGA GACCAGACCA | | |
| Ser Phe His Ile Ser Asn Leu Gln Phe Asn Ser Ser Leu 205* 210* 215* GAA GAT CCC AGC ACC GAC TAC TAC CAA GAG CTG CAG AGA GAL ASP Pro Ser Thr Asp Tyr Tyr Gln Glu Leu Gln Arg 220* 225* 230* GAC ATT TCT GAA ATG GTG AGT ATC GGC CTT TCC TCC CCC Asp Ile Ser Glu Met Val Ser Ile Gly Leu Ser Phe Pro 235* 240* ATG CTC CCC TGA AGCAGCCATC AGAACTGTCC ACACCCTTTG Met Leu Pro Ter 245* CATCAAGCCT GAGTCCTTC CCTCTCACCC CAGTTTTTGC AGATTTATAA ACAAGGGGT TTTCTGGGCC TCTCCAATAT TAAGTTCAGG TACAGTTCTG GGTGTGGACC CAGTGTGGTG GTTGGAGGGT TGGGTGGTG TCATGACCGT AGGAGGGACC GGCTGAAGTG CCCATTTCC TGGTGGTG GTCAGACCGT AGGAGGGACCA GGCTGAAGTG CCCATTTCC TGTGACCAGG CCAGGATCTG GACGTGGACA ATTGACTCTG GCCTTCCCAG AGGAGACCATC CAATGTCCAC GACGTGGACA ATTGACTCTG GCCTTCCCAG AGGATCTCC CTTGGACCAG CCTCTCGATA TAACCTGACA ATTGACTCTG GCCTTCCCAG AGGTACCAT CAATGTCCAC TAACCTGACA ATTGACTCTG TCAGCGGTGA GGCTACTTC CTTGGACCAG CCTCTCGATA TAACCTGACG ATCTCAGACG TCAGGGGCC TCCTCTCCACC AGGTCTCC TGGTGGGGC TCCCCGCTCT TAACCTGACG ATCTCAGACG TCAGCGGTGA GGCTACTTC CTGGCTGCAG 1291 + (60xn) TCCCTAGACC TTCCTTTAG TGAGGGGCC TCCTCTTCC TTCTCTCCCC TGGTCTGCCC 1341 + (60xn) TCCCTTAGTC CTGGCAGCGG GAGGGGCCC TCCTCTGGA GACCACCCTC 1341 + (60xn) TCCCTTAGTC TTCCTTTTAG TGAGTCATT GCCATTTCC TTCTCTCCCC 1441 + (60xn) ACCACTGCTT TCCCTTTAG TGAGTCATT CTCATTGCCT TGGTGAGTGC 1441 + (60xn) TGGTGTTCTGG TTGCGCTGGC CATTGTCTAT CTCATTGCCT TGGTGAGTGC 1541 + (60xn) AGTCCTGGC CTGGTCCAG GGCTGGGGCA TCGCCTGGTT GGTGGGTCC 1541 + (60xn) AGTCCTGGC CTGATCAGA GCCCCCCGT AGAAGGCACT CCATGGCCTG 1591 + (60xn) AGTCCCTGGC CTGATCAGA GCCCCCCGGT AGAAGGCACT CCATGGCCTG 1591 + (60xn) | 195* 200* | |
| Ser Phe His Ile Ser Asn Leu Gln Phe Asn Ser Ser Leu 205* 210* 215* GAA GAT CCC AGC ACC GAC TAC TAC CAA GAG CTG CAG AGA GAL ASP Pro Ser Thr Asp Tyr Tyr Gln Glu Leu Gln Arg 220* 225* 230* GAC ATT TCT GAA ATG GTG AGT ATC GGC CTT TCC TCC CCC Asp Ile Ser Glu Met Val Ser Ile Gly Leu Ser Phe Pro 235* 240* ATG CTC CCC TGA AGCAGCCATC AGAACTGTCC ACACCCTTTG Met Leu Pro Ter 245* CATCAAGCCT GAGTCCTTC CCTCTCACCC CAGTTTTTGC AGATTTATAA ACAAGGGGT TTTCTGGGCC TCTCCAATAT TAAGTTCAGG TACAGTTCTG GGTGTGGACC CAGTGTGGTG GTTGGAGGGT TGGGTGGTG TCATGACCGT AGGAGGGACC GGCTGAAGTG CCCATTTCC TGGTGGTG GTCAGACCGT AGGAGGGACCA GGCTGAAGTG CCCATTTCC TGTGACCAGG CCAGGATCTG GACGTGGACA ATTGACTCTG GCCTTCCCAG AGGAGACCATC CAATGTCCAC GACGTGGACA ATTGACTCTG GCCTTCCCAG AGGATCTCC CTTGGACCAG CCTCTCGATA TAACCTGACA ATTGACTCTG GCCTTCCCAG AGGTACCAT CAATGTCCAC TAACCTGACA ATTGACTCTG TCAGCGGTGA GGCTACTTC CTTGGACCAG CCTCTCGATA TAACCTGACG ATCTCAGACG TCAGGGGCC TCCTCTCCACC AGGTCTCC TGGTGGGGC TCCCCGCTCT TAACCTGACG ATCTCAGACG TCAGCGGTGA GGCTACTTC CTGGCTGCAG 1291 + (60xn) TCCCTAGACC TTCCTTTAG TGAGGGGCC TCCTCTTCC TTCTCTCCCC TGGTCTGCCC 1341 + (60xn) TCCCTTAGTC CTGGCAGCGG GAGGGGCCC TCCTCTGGA GACCACCCTC 1341 + (60xn) TCCCTTAGTC TTCCTTTTAG TGAGTCATT GCCATTTCC TTCTCTCCCC 1441 + (60xn) ACCACTGCTT TCCCTTTAG TGAGTCATT CTCATTGCCT TGGTGAGTGC 1441 + (60xn) TGGTGTTCTGG TTGCGCTGGC CATTGTCTAT CTCATTGCCT TGGTGAGTGC 1541 + (60xn) AGTCCTGGC CTGGTCCAG GGCTGGGGCA TCGCCTGGTT GGTGGGTCC 1541 + (60xn) AGTCCTGGC CTGATCAGA GCCCCCCGT AGAAGGCACT CCATGGCCTG 1591 + (60xn) AGTCCCTGGC CTGATCAGA GCCCCCCGGT AGAAGGCACT CCATGGCCTG 1591 + (60xn) | ጥርጥ ጥጥጥ ርቅር ቅጥጥ ጥርኳ አኔር ርጥር ርቅር ጥጥጥ አኔጥ ጥርር መርመ ርመር | 777 |
| GAA GAT CCC AGC ACC GAC TAC TAC CAA GAG CTG CAG AGA Glu Asp Pro Ser Thr Asp Tyr Tyr Gln Glu Leu Gln Arg 220* GAC ATT TCT GAA ATG GTG AGT ATC GGC CTT TCC TTC CCC Asp Ile Ser Glu Met Val Ser Ile Gly Leu Ser Phe Pro 235* ATG CTC CCC TGA AGCAGCCATC AGAACTGTCC ACACCCTTTG Met Leu Pro Ter 245* CATCAAGCCT GAGTCCTTTC CCTCCACCC CAGTTTTTGC AGATTTATAA ACAAGGGGGT TTTCTGGGCC TCTCCAATAT TAAGTTCAGG TACAGTTCTG GGTGTGGAC CAGTGTGGTG GTTGGAGGGT TGGGTGGTG TCATGACCGT AGGAGCCGT GGCTCAATAT CAGGTTGGG GAAGAGTCGT GAGCCAGAGC ATGGTGGTAC ATTGACTCTC TGTGACCAG CCAGGTCTG TGGTGGTACA ATTGACTCTG GCCTTCCCAG AAGGTACCAT CAATGTCCAC 1191 + (60xn) TGGGGGACCCGT GGCTCAATAT TAAGTTCAGG CCAGGATCTG 1141 + (60xn) TGGTGGTACA ATTGACTCTG GCCTTCCCAG AAGGTACCAT CAATGTCCAC 1191 + (60xn) TAACCTGACG ATCTCAGACG TCACCGGTCA AAGGTACCAT CAATGTCCAC 1191 + (60xn) TAACCTGACG ATCTCAGACG TCACCGGTCA GGCTACTTCC CTGGCTGCAG 1291 + (60xn) TCCCTTAGTG CTGGCAGCG CAGGGGCCC TCCTCTCC AGTGCCTGG TCCCCGCTCT 1341 + (60xn) TCCCTTAGTG CTGGCAGCG GAGGGCGCC TCCTCTCC AGTGCCTGG TCCCCGCTCT 1341 + (60xn) TCCCTTAGTG CTGGCAGCG GAGGGCGCC TCCTCTCC AGTGCCTG 1391 + (60xn) ACCACTGCTT TCCCTTTTAG TGAGTCATTC TCCTTTTCCCC 1441 + (60xn) ACCACTGCTT TCCCTTTTAG TGAGTCATT CTCATTTCCT TTCTTCTCCC 1441 + (60xn) ACTCTTGGGC TGGGGGCA GCCCCCGGT AGAAGGACT CCATGGCCTG 1591 + (60xn) AGTCCCTGGC CCTGATCAGA GCCCCCCGGT AGAAGGACT CCATGGCCTG 1591 + (60xn) AGTCCCTGGC CCTGATCAGA GCCCCCCGGT AGAAGGCACT CCATGGCCTG 1591 + (60xn) AGTCCCTGGC CCTGATCAGA GCCCCCCGGT AGAAGGCACT CCATGGCCTG 1591 + (60xn) AGTCCCTGGC CCTGATCAGA GCCCCCCGGT AGAAGGCACT CCATGGCCTG 1591 + (60xn) | | //I + (60xn) |
| GAA GAT CCC AGC ACC GAC TAC TAC CAA GAG CTG CAG AGA GIU ASP Pro Ser Thr ASP Tyr Tyr Gln Glu Leu Gln Arg 220* 225* 230* GAC ATT TCT GAA ATG GTG AGT ATC GGC CTT TCC TTC CCC ASP Ile Ser Glu Met Val Ser Ile Gly Leu Ser Phe Pro 235* 240* ATG CTC CCC TGA AGCAGCCATC AGAACTGTCC ACACCCTTTG CATCAAGCCT GAGTCCTTC CCTCTCACCC CAGTTTTTGC AGATTTATAA ACAAGGGGGT TTTCTGGGCC TCTCCAATAT TAAGTTCAGG TACAGTTCTG GGTGTGGACC CAGTTGGTG GTTGGAGGGT TGGGTGGTGG TCATGACCGT 1041 + (60xn) AGGAGGAGCACT AGGTTCGGG GAAGGTCGT GAGCCAGAGC 1091 + (60xn) TGGGTGGTACA ATTGACTCTA GCCTTCCCAGA GAAGGTACCAT CAATGTCCAC 1141 + (60xn) GACGTGGAGA CACAGTTCAA TCAGTTATAA ACGGAACCAG CCCAGGACT 1141 + (60xn) GACGTGGAGA CACAGTTCAA TCAGTTATAA ACGGAACCAG CCTCTCGATA 1241 + (60xn) GACGTGGAGA CACAGTTCAA TCAGTTATAA ACGGAACCAG CCTCTCGATA 1241 + (60xn) TAACCTGACG ATCTCAGAC TCAGCGGTGA GGCTACTCC CTGGCTGAG 1291 + (60xn) TACCTTAGTG CTGGCAGCG GAGGGGCCC TCCCTTCC AGTGCCTGGA TCCCCTCTCT 1341 + (60xn) TCCCTTAGTG CTGGCAGCG GAGGGGCCC TCCCTTCC AGTGCCTGG TCCCCGCTCT 1341 + (60xn) ACCACTGCTT TCCCTTTTAG TGAGTCATTT CCTCTTCGCC 1441 + (60xn) ACCACTGCTT TCCCTTTTAG TGAGTCATT CCTCTTCCTC TCCTCTCCC 1391 + (60xn) ACCACTGCTT TCCCTTTTAG TGAGTCATT CCTCTTTCCT TTCTTCTCCCC 1441 + (60xn) ACCACTGCTT TCCCTTTTAG TGAGTCATT CCTCTTTCCT TTCTTCTCCCC 1441 + (60xn) ACCACTGCTT TCCCTTTTAG TGAGTCATT CCTCATTCCT TTCTTCTCCCC 1441 + (60xn) ACCACTGCTT TCCCTTTTAG TGAGTCATT CCTCATTCCT TTCTTCTCCCC 1441 + (60xn) ACTCTTGGGCC CTGGTGCCA GGCTGGGCA TCCCCTGGCT GGTGTCTGCT 1441 + (60xn) ACTCTTGGGC CTGGCTAGCA GCCCCCGGT AGAAGGACT CCATGGCCT 1591 + (60xn) AGTCCCTGGC CTGATCAGA GCCCCCGGT AGAAGGCACT CCATGGCCT 1591 + (60xn) | · | |
| GAC ATT TCT GAA ATG GTG AGT ATC GGC CTT TCC TTC CCC GAC ATT TCT GAA ATG GTG AGT ATC GGC CTT TCC TTC CCC ASP Ile Ser Glu Met Val Ser Ile Gly Leu Ser Phe Pro 235* ATG CTC CCC TGA AGCAGCCATC AGAACTGTCC ACACCCTTTG Met Leu Pro Ter 245* CATCAAGCCT GAGTCCTTTC CCTCTCACCC CAGTTTTTCC AGATTTATAA ACAAGGGGGT TTTCTGGGCC TCTCCAATAT TAAGTTCAGG TACAGTTCTG AGGAGGGACC CAGTGTGGTG GTTGGAGGGT TGGGTGGTGG TCATGACCGT AGGAGGGACC CAGTGTGGTG GTTGGAGGGT TGGGTGGTG TCATGACCGT AGGAGGGACT GGCCGACTT AAGGTTGGG GAAGAGTCTG GAGCCAGAGC TGGGACCCGT GGCTGAAGTG CCCATTTCCC TGTGACCAGG CCAGGACTG TGGGGACCCGT GGCTGAAGTG CCCATTTCCC TGTGACCAGG CCAGGACTG TGGTGGTACA ATTGACTCTG GCCTTCCGAG AAGGTACCAT CAATGTCCAC GACGTGGAGA CACAGTTCAA TCAGTATAAA ACGGAAGCAG CCTCTCGATA TAACCTCACG ATCTCAGACG TCAGCGGTGA GGCTACTTC CTGGCTGCAG TTCCTTAGTG CTGGCAGCG CTCTCCTTCC AGTGCCTGGT TCCCCGCTCT TTCCTTAGTG CTGGCAGCG CTCTCCTTCC AGTGCCTGGT TCCCCCCTT TTCCTTAGTG CTGGCAGCGG CTCTCCTTCC AGTGCCTGGT TCCCCCCCTT AGTCTCGGGC TGGGGTGCCA GGCTGCTCT TCCTTCCCC TGGTGACTGC TTCCTTCTCCC AGTCTTCTTTTAG TGAGTCATGT GCCATTTCCT TTCTTCCCCC AGTCTTCGGGC TGGGGTGCCA GGCTGGGCCA TCCCCTGGTC TTCCTTCCCC TGGTTCTGG TTGCGCTGGC CATTGTCTAT CTCATTGCCT TGGTGACTGC TGGTGTCTGG CCTGATCAGA GCCCCCCGGT AGAAGACT CCATGGCCTG TGGTTCTGC TGGGCTGGC CATTGTCTAT CTCATTGCCT TGGTGACTGC TGGTGTCTGG CCTGATCAGA GCCCCCCGGT AGAAGAACT CCATGGCCTG TGGTTCTGC TTGCGCTGGC CATTGTCTAT CTCATTGCCT TGGTGACTGC TGGTGTCTGG TTGCGCTGGC CATTGTCTAT CTCATTGCCT TGGTGACTGC TGGTTCTGG TTGCGCTGGC CATTGTCTAT CTCATTGCCT TGGTGACTGC TGGTGTCTGG CCTGTCTG CATTGCCT TGGTGACTGC TGGTCTGTCT TGGTGACTGC TGGTCTGTC | | |
| GROW ASP PRO SET THE ASP TYP TYP GIN GIU Leu GIN ARG 220* 225* 225* 230* GROW ATT TOT GRAW ATG GTG AGT ATC GGC CTT TCC TTC CCC ASP ILE SET GIU MET VAI SET ILE GIY LEU SET PHE PRO 235* ATG CTC CCC TGA AGCAGCCATC AGAACTGTCC ACACCCTTTG NET Leu Pro Ter 245* CATCAAGCCT GAGTCCTTTC CCTCTCACCC CAGTTTTTCC AGATTTATAA ACAAGGGGGT TTTCTGGGCC TCTCCAATAT TAAGTTCAGG TACAGTTCTG AGAGGGGGT TTTCTGGGCC TCTCCAATAT TAAGTTCAGG TACAGTTCTG AGGAGGGACC CAGTGTGGTG GTTGGAGGGT TGGGTGGTG TCATGACCGT 1041 + (60xn) AGGAGGGACT GGTCGCACTT AAGGTTGGGG GAAGAGTCGT GACCAGAGC 1091 + (60xn) TGGGACCCGT GGCTGAAGTG CCCATTTCCC TGTGACCAGG CCAGGACTG 1141 + (60xn) TGGTGGTACA ATTGACTCTG GCCTTCCGAG AAGGTACCAT CAATGTCCAC 1191 + (60xn) TGGTGGTACA ATTGACTCTG GCCTTCCGAG AAGGTACCAT CAATGTCCAC 1191 + (60xn) TAACCTCACG ATCTCAGACG TCAGCGGTGA GGCTACTTCC CTGGCTGCAG 1291 + (60xn) TAACCTGACG ATCTCAGACG TCAGCGGTGA GGCTACTTCC CTGGCTGCAG 1291 + (60xn) TCCCTAGAGC TCGCGGGGCC CTCCTCTCTTC ACTGCCTCGT 1341 + (60xn) TCCCTAGTG TTCCTTTTAG TGAGTCATGT GCCATTTCCT TTCTCTCCCC 1341 + (60xn) AGTCTGGGGC TGGGGTGCCA GGCTGGGCC TCCTCTGGGG TCCCCGCTCT 1341 + (60xn) AGTCTGGGGC TGGGGTGCCA GGCTGGGCCA TCCCTCTGGTG TCCCCCCTC 1391 + (60xn) AGTCTGGGGC TGGGGTGCCA GGCTGGGCCA TCCCTCTGGTG TTCTCTCCCC 1441 + (60xn) AGTCTCGGGC TGGGGTGCCA GGCTGGGCCA TCCCCTCGTT TTCTCTCCCC 1441 + (60xn) AGTCCCTGGC CCTGATCAGA GCCCCCCGGT AGAAGGCACT CCATGGCCTG 1591 + (60xn) AGTCCCTGGC CCTGATCAGA GCCCCCCGGT AGAAGACCT CCATGGCCTG 1591 + (60xn) | GAA GAT CCC AGC ACC GAC TAC TAC CAA GAG CTG CAG AGA | 810 + (60xn) |
| GAC ATT TCT GAA ATG GTG AGT ATC GGC CTT TCC TTC CCC ASP Ile Ser Glu Met Val Ser Ile Gly Leu Ser Phe Pro 235* 240* ATG CTC CCC TGA AGCAGCCATC AGAACTGTCC ACACCCTTTG Met Leu Pro Ter 245* CATCAAGCCT GAGTCCTTC CCTCTCACCC CAGTTTTTGC AGATTTATAA 941 + (60xn) ACAAGGGGGT TTTCTGGGCC TCTCCAATAT TAAGTTCAGG TACAGTTCTG 991 + (60xn) AGGAGGGACC CAGTGTGGTG GTTGGAGGGT TGGGTGGTGG TCATGACCGT 1041 + (60xn) AGGAGGGACC GGCTGCACTT AAGGTTGGGG GAAGAGTCGT GAGCCAGAGC 1091 + (60xn) TGGGACCCGT GGCTGAAGTG CCCATTTCCC TGTGACCAGG CCAGGATCTG 1141 + (60xn) TGGTGGTACA ATTGACTCTG GCCTTCCGAG AAGGTACCAT CAATGTCCAC 1191 + (60xn) GACGTGGAGA CACAGTTCAA TCAGTATAAA ACGGAAGCAG CCTCTCGATA 1241 + (60xn) TAACCTGACG ATCTCAGACG TCAGCGGTGA GCCTACTTCC CTGGCTGCAG 1291 + (60xn) TCCTTAGTG CTGGCAGCGG CTCTCCTTCC AGTGCCTGGG TCCCCGCTCT 1341 + (60xn) ACCACTGCTT TTCCTTTTAG TGAGTCATGT GCCATTTCCT TTCTCTGCCC 1441 + (60xn) AGTCTGGGGC TGGGGTGCA GGCTGGGGCA TCGCGTGTC GGTGCTGGTC 1491 + (60xn) AGTCTGGGGC TGGGGTGCA GGCTGGGGCA TCGCGCTGT GGTGCTGGTC 1491 + (60xn) AGTCTGGGGC TGGGGTGCA GGCTGGGGCA TCGCGCTGT TTCTTTCCCC 1441 + (60xn) AGTCTGGGGC CCTGATCAGA GCCCCCCGGT AGAAGGCACT CCATGGCCTG 1591 + (60xn) AGTCCCTGGC CCTGATCAGA GCCCCCCGGT AGAAGGCACT CCATGGCCTG 1591 + (60xn) AGTCCCTGGC CCTGATCAGA GCCCCCCGGT AGAAGGCACT CCATGGCCTG 1591 + (60xn) | Glu Asp Pro Ser Thr Asp Tyr Tyr Gln Glu Leu Gln Arg | (00000) |
| ATG CTC CCC TGA AGCAGCCATC AGAACTGTCC ACACCCTTTG ATG CTC CCC TGA AGCAGCCATC AGAACTGTCC ACACCCTTTG Met Leu Pro Ter 245* CATCAAGCCT GAGTCCTTTC CCTCTCACCC CAGTTTTTGC AGATTTATAA ACAAGGGGGT TTTCTGGGCC TCTCCAATAT TAAGTTCAGG TACAGTTCTG GGTGTGGACC CAGTGTGGTG GTTGGAGGGT TGGGTGGTGG TCATGACCGT AGGAGGGACT GGTCGCACTT AAGGTTGGGG GAAGAGTCGT GAGCCAGAGC AGGAGGGACT GGTCGCACTT AAGGTTCGG GAAGAGTCGT GAGCCAGAGC TGGGACCCGT GGCTGAAGTG CCCATTTCCC TGTGACCAGG CCAGGATCTG TGGTGGTACA ATTGACTCTG GCCTTCCGAG AAGGTACCAT CAATGTCCAC GACGTGGAGA CACAGTTCAA TCAGTATAAA ACGGAAGCAG CCTCTCGATA TAACCTGACG ATCTCAGACG TCAGCGGTGA GGCTACTTCC CTGGCTGCAG TCCCAGCACCA TGCCGGGGCC CTCTCCTTCC AGTGCCTGGG TCCCCGCTCT TTCCTTAGTG CTGGCAGCGG GAGGGGCGC TCCTCTGGGA GACTGCCCTG TGGTTCTGG TTCCTTTTAG TGAGTCATGT GCCATTTCCT TTCTCTGCCC T441 + (60xn) AGTCTGGGGC TGGGGTGCCA GGCTGGGGCA TCGCCGTGT GGTGCTGGT TGGTGAGTGC TGGTTCTGG TTGCGCTGGC CATTGCTAT CTCATTGCCT TGGTGAGTGC TGGTGTTCTGG TTGCCTGGC CATTGCTAT CTCATTGCCT TGGTGAGTGC TGGTGTCGC CTGATCAGA GCCCCCCGGT AGAAGGCACT CCATGGCCTG T591 + (60xn) | 220* 225* 230* | |
| ATG CTC CCC TGA AGCAGCCATC AGAACTGTCC ACACCCTTTG ATG CTC CCC TGA AGCAGCCATC AGAACTGTCC ACACCCTTTG Met Leu Pro Ter 245* CATCAAGCCT GAGTCCTTTC CCTCTCACCC CAGTTTTTGC AGATTTATAA ACAAGGGGGT TTTCTGGGCC TCTCCAATAT TAAGTTCAGG TACAGTTCTG GGTGTGGACC CAGTGTGGTG GTTGGAGGGT TGGGTGGTGG TCATGACCGT AGGAGGGACT GGTCGCACTT AAGGTTGGGG GAAGAGTCGT GAGCCAGAGC AGGAGGGACT GGTCGCACTT AAGGTTCGG GAAGAGTCGT GAGCCAGAGC TGGGACCCGT GGCTGAAGTG CCCATTTCCC TGTGACCAGG CCAGGATCTG TGGTGGTACA ATTGACTCTG GCCTTCCGAG AAGGTACCAT CAATGTCCAC GACGTGGAGA CACAGTTCAA TCAGTATAAA ACGGAAGCAG CCTCTCGATA TAACCTGACG ATCTCAGACG TCAGCGGTGA GGCTACTTCC CTGGCTGCAG TCCCAGCACCA TGCCGGGGCC CTCTCCTTCC AGTGCCTGGG TCCCCGCTCT TTCCTTAGTG CTGGCAGCGG GAGGGGCGC TCCTCTGGGA GACTGCCCTG TGGTTCTGG TTCCTTTTAG TGAGTCATGT GCCATTTCCT TTCTCTGCCC T441 + (60xn) AGTCTGGGGC TGGGGTGCCA GGCTGGGGCA TCGCCGTGT GGTGCTGGT TGGTGAGTGC TGGTTCTGG TTGCGCTGGC CATTGCTAT CTCATTGCCT TGGTGAGTGC TGGTGTTCTGG TTGCCTGGC CATTGCTAT CTCATTGCCT TGGTGAGTGC TGGTGTCGC CTGATCAGA GCCCCCCGGT AGAAGGCACT CCATGGCCTG T591 + (60xn) | · | |
| ATG CTC CCC TGA AGCAGCCATC AGAACTGTCC ACACCCTTTG Met Leu Pro Ter 245* CATCAAGCCT GAGTCCTTTC CCTCTCACCC CAGTTTTTGC AGATTTATAA ACAAGGGGGT TTTCTGGGCC TCTCCAATAT TAAGTTCAGG TACAGTTCTG 991 + (60xn) AGAAGGGGGT TTTCTGGGCC TCTCCAATAT TAAGTTCAGG TACAGTTCTG 991 + (60xn) AGGAGGGACC CAGTGTGGTG GTTGGAGGGT TGGGTGGTGG TCATGACCGT 1041 + (60xn) AGGAGGGACT GGTCGCACTT AAGGTTGGGG GAAGAGTCGT GAGCCAGAGC 1091 + (60xn) TGGGACCCGT GGCTGAAGTG CCCATTTCCC TGTGACCAGG CCAGGATCTG 1141 + (60xn) TGGTGGTACA ATTGACTCTG GCCTTCCGAG AAGGTACCAT CAATGTCCAC 1191 + (60xn) GACGTGGAGA CACAGTTCAA TCAGTATAAA ACGGAAGCAG CCTCTCGATA 1241 + (60xn) TAACCTGACG ATCTCAGACG TCAGCGGTGA GGCTACTTCC CTGGCTGCAG 1291 + (60xn) CCCAGCACCA TGCCGGGGCC CTCTCCTTCC AGTGCCTGGG TCCCCGCTCT 1341 + (60xn) ACCACTGCTT TTCCTTTTAG TGAGTCATGT GCCATTTCCT TTCTCTGCCC 1441 + (60xn) AGTCTGGGGC TGGGGTGCCA GGCTGGGGCA TCGCGCTGCT GGTGCTGGTC 1491 + (60xn) AGTCTGGGGC TGGGGTGCCA GGCTGGGCA TCGCGCTGCT TCCTTGGCC 1441 + (60xn) AGTCTCTGGC CCTGATCAGA GCCCCCCGGT AGAAGGCACT CCATGGCCTG 1591 + (60xn) AGTCCCTGGC CCTGATCAGA GCCCCCCGGT AGAAGGCACT CCATGGCCTG 1591 + (60xn) AGTCCCTGGC CCTGATCAGA GCCCCCCGGT AGAAGGCACT CCATGGCCTG 1591 + (60xn) AGTCCCTGGC CCTGATCAGA GCCCCCCGGT AGAAGGCACT CCATGGCCTG 1591 + (60xn) | | 849 + (60xn) |
| ATG CTC CCC TGA AGCAGCCATC AGAACTGTCC ACACCCTTTG Met Leu Pro Ter 245* CATCAAGCCT GAGTCCTTTC CCTCTCACCC CAGTTTTTGC AGATTTATAA ACAAGGGGGT TTTCTGGGCC TCTCCAATAT TAAGTTCAGG TACAGTTCTG GGTGTGGACC CAGTGTGGTG GTTGGAGGGT TGGGTGGTGG TCATGACCGT AGGAGGGACT GGTCGCACTT AAGGTTGGGG GAAGAGTCGT GAGCCAGAGC AGGAGCCCGT GGCTGAAGTG CCCATTTCCC TGTGACCAGG CCAGGATCTG TGGGTGGTACA ATTGACTCTG GCCTTCCGAG AAGGTACCAT CAATGTCCAC GACGTGGAGA CACAGTTCAA TCAGTATAAA ACGGAAGCAG CCTCTCGATA TAACCTGACG ATCTCAGACG TCAGCGGTGA GGCTACTTCC CTGGCTGCAG CCCAGCACCA TGCCGGGGCC CTCTCCTTCC AGTGCCTGGG TCCCCGCTCT TTCCTTAGTG CTGGCAGCGG GAGGGGCGCC TCCTCTGGAG GACTGCCCTG ACCACTGCTT TTCCTTTTAG TGAGTCATGT GCCATTTCCT TTCTCTGCCC AGTCTGGGGC TGGGGTGCCA GGCTGGGGCA TCGCGCTGCT GGTGCTGGTC TGGTGTTCTGG TTGCGCTGGC CATTGTCTAT CTCATTGCCT TGGTGAGTGC TGGTGTCTGG CCCTGATCAGA GCCCCCCGGT AGAAGGCACT CCATGGCCTG AGTCCCTGGC CCTGATCAGA GCCCCCCGGT AGAAGGCACT CCATGGCCTG CCATAACCTC CTATCTCCCC AGGCTGTCTG TCAGTGCCGC CGAAAGAACT 1641 + (60xn) | | |
| Met Leu Pro Ter 245* CATCAAGCCT GAGTCCTTTC CCTCTCACCC CAGTTTTTGC AGATTTATAA 941 + (60xn) ACAAGGGGGT TTTCTGGGCC TCTCCAATAT TAAGTTCAGG TACAGTTCTG 991 + (60xn) GGTGTGGACC CAGTGTGGTG GTTGGAGGGT TGGGTGGTGG TCATGACCGT 1041 + (60xn) AGGAGGGACT GGTCGCACTT AAGGTTGGGG GAAGAGTCGT GAGCCAGAGC 1091 + (60xn) TGGGACCCGT GGCTGAAGTG CCCATTTCCC TGTGACCAGG CCAGGATCTG 1141 + (60xn) TGGTGGTACA ATTGACTCTG GCCTTCCGAG AAGGTACCAT CAATGTCCAC 1191 + (60xn) GACGTGGAGA CACAGTTCAA TCAGTATAAA ACGGAAGCAG CCTCTCGATA 1241 + (60xn) TAACCTGACG ATCTCAGACG TCAGCGGTGA GGCTACTTCC CTGGCTGCAG 1291 + (60xn) CCCAGCACCA TGCCGGGGCC CTCTCCTTCC AGTGCCTGGG TCCCCGCTCT 1341 + (60xn) TTCCTTAGTG CTGGCAGCGG GAGGGGCGCC TCCTCTGGGA GACTGCCCTG 1391 + (60xn) ACCACTGCTT TTCCTTTTAG TGAGTCATGT GCCATTTCCT TTCTCTGCCC 1441 + (60xn) AGTCCTGGGC TGGGGTGCCA GGCTGGGGCA TCGCGCTGCT GGTGCTGGTC 1491 + (60xn) TGTGTTCTGG TTGCGCTGGC CATTGCTAT CTCATTGCCT TGGTGAGTGC 1541 + (60xn) AGTCCCTGGC CCTGATCAGA GCCCCCCGGT AGAAGGCACT CCATGGCCTG 1591 + (60xn) AGTCCCTGGC CCTGATCAGA GCCCCCCGGT AGAAGGCACT CCATGGCCTG 1591 + (60xn) | 2.45* 240* | |
| Met Leu Pro Ter 245* CATCAAGCCT GAGTCCTTTC CCTCTCACCC CAGTTTTTGC AGATTTATAA 941 + (60xn) ACAAGGGGGT TTTCTGGGCC TCTCCAATAT TAAGTTCAGG TACAGTTCTG 991 + (60xn) GGTGTGGACC CAGTGTGGTG GTTGGAGGGT TGGGTGGTGG TCATGACCGT 1041 + (60xn) AGGAGGGACT GGTCGCACTT AAGGTTGGGG GAAGAGTCGT GAGCCAGAGC 1091 + (60xn) TGGGACCCGT GGCTGAAGTG CCCATTTCCC TGTGACCAGG CCAGGATCTG 1141 + (60xn) TGGTGGTACA ATTGACTCTG GCCTTCCGAG AAGGTACCAT CAATGTCCAC 1191 + (60xn) GACGTGGAGA CACAGTTCAA TCAGTATAAA ACGGAAGCAG CCTCTCGATA 1241 + (60xn) TAACCTGACG ATCTCAGACG TCAGCGGTGA GGCTACTTCC CTGGCTGCAG 1291 + (60xn) CCCAGCACCA TGCCGGGGCC CTCTCCTTCC AGTGCCTGGG TCCCCGCTCT 1341 + (60xn) TTCCTTAGTG CTGGCAGCGG GAGGGGCGCC TCCTCTGGGA GACTGCCCTG 1391 + (60xn) ACCACTGCTT TTCCTTTTAG TGAGTCATGT GCCATTTCCT TTCTCTGCCC 1441 + (60xn) AGTCCTGGGC TGGGGTGCCA GGCTGGGGCA TCGCGCTGCT GGTGCTGGTC 1491 + (60xn) TGTGTTCTGG TTGCGCTGGC CATTGCTAT CTCATTGCCT TGGTGAGTGC 1541 + (60xn) AGTCCCTGGC CCTGATCAGA GCCCCCCGGT AGAAGGCACT CCATGGCCTG 1591 + (60xn) AGTCCCTGGC CCTGATCAGA GCCCCCCGGT AGAAGGCACT CCATGGCCTG 1591 + (60xn) | 247 | |
| CATCAAGCCT GAGTCCTTC CCTCTCACCC CAGTTTTTGC AGATTTATAA 941 + (60xn) ACAAGGGGGT TTTCTGGGCC TCTCCAATAT TAAGTTCAGG TACAGTTCTG 991 + (60xn) GGTGTGGACC CAGTGTGGTG GTTGGAGGGT TGGGTGGTGG TCATGACCGT 1041 + (60xn) AGGAGGGACT GGTCGCACTT AAGGTTGGGG GAAGAGTCGT GAGCCAGAGC 1091 + (60xn) TGGGGACCCGT GGCTGAAGTG CCCATTTCCC TGTGACCAGG CCAGGATCTG 1141 + (60xn) TGGTGGTACA ATTGACTCTG GCCTTCCGAG AAGGTACCAT CAATGTCCAC 1191 + (60xn) GACGTGGAGA CACAGTTCAA TCAGTATAAA ACGGAAGCAG CCTCTCGATA 1241 + (60xn) TAACCTGACG ATCTCAGACG TCAGCGGTGA GGCTACTTCC CTGGCTGCAG 1291 + (60xn) CCCAGCACCA TGCCGGGGCC CTCTCCTTCC AGTGCCTGGG TCCCCGCTCT 1341 + (60xn) ACCACTGCTT TTCCTTTAG TGAGTCATGT GCCATTTCCT TTCTCTGCCC 1441 + (60xn) AGTCCTGGGC TGGGGTGCCA GGCTGGGGCA TCGCGCTGCT GGTGCTGGTC 1491 + (60xn) AGTCCTGGC CCTGATCAGA GCCCCCCGGT AGAAGGCACT CCATGGCCTG 1591 + (60xn) AGTCCCTGGC CCTGATCAGA GCCCCCCGGT AGAAGGCACT CCATGGCCTG 1591 + (60xn) AGTCCCTGGC CCTGATCAGA GCCCCCCGGT AGAAGGCACT CCATGGCCTG 1591 + (60xn) | | 991 ± (£0v=) |
| ACAAGGGGGT TTTCTGGGCC TCTCCAATAT TAAGTTCAGG TACAGTTCTG GGTGTGGACC CAGTGTGGTG GTTGGAGGGT TGGGTGGTG TCATGACCGT AGGAGGGACT GGTCGCACTT AAGGTTGGGG GAAGAGTCGT GAGCCAGAGC TGGGACCCGT GGCTGAAGTG CCCATTTCCC TGTGACCAGG CCAGGATCTG TGGTGGTACA ATTGACTCTG GCCTTCCGAG AAGGTACCAT CAATGTCCAC GACGTGGAGA CACAGTTCAA TCAGTATAAA ACGGAAGCAG CCTCTCGATA TAACCTGACG ATCTCAGACG TCAGCGGTGA GGCTACTTCC CTGGCTGCAG CCCAGCACCA TGCCGGGGCC CTCTCCTTCC AGTGCCTGGG TCCCCGCTCT TTCCTTAGTG CTGGCAGCG GAGGGGCGCC TCCTCTGGAG GACTGCCCTG ACCACTGCTT TTCCTTTTAG TGAGTCATGT GCCATTTCCT TTCTCTGCCC AGTCTGGGGC TGGGGTGCCA GGCTGGGGCA TCGCCGTGCT GGTGCTGGTC AGTCTTGGGC TTGCGCTGGC CATTGTCTAT CTCATTGCCT TGGTGAGTGC TGTGTTCTGG TTGCGCTGGC CATTGTCTAT CTCATTGCCT TGGTGAGTGC CCATAACCTC CTATCTCCCC AGGCTGTCTG TCAGTGCCCC CGAAAGAACT CCATAACCTC CTATCTCCCC AGGCTGTCTG TCAGTGCCGC CGAAAGAACT 1641 + (60xn) 1591 + (60xn) | ATG CTC CCC TGA AGCAGCCATC AGAACTGTCC ACACCCTTTG | 891 + (60xn) |
| ACAAGGGGGT TTTCTGGGCC TCTCCAATAT TAAGTTCAGG TACAGTTCTG GGTGTGGACC CAGTGTGGTG GTTGGAGGGT TGGGTGGTG TCATGACCGT AGGAGGGACT GGTCGCACTT AAGGTTGGGG GAAGAGTCGT GAGCCAGAGC TGGGACCCGT GGCTGAAGTG CCCATTTCCC TGTGACCAGG CCAGGATCTG TGGTGGTACA ATTGACTCTG GCCTTCCGAG AAGGTACCAT CAATGTCCAC GACGTGGAGA CACAGTTCAA TCAGTATAAA ACGGAAGCAG CCTCTCGATA TAACCTGACG ATCTCAGACG TCAGCGGTGA GGCTACTTCC CTGGCTGCAG CCCAGCACCA TGCCGGGGCC CTCTCCTTCC AGTGCCTGGG TCCCCGCTCT TTCCTTAGTG CTGGCAGCG GAGGGGCGCC TCCTCTGGAG GACTGCCCTG ACCACTGCTT TTCCTTTTAG TGAGTCATGT GCCATTTCCT TTCTCTGCCC AGTCTGGGGC TGGGGTGCCA GGCTGGGGCA TCGCCGTGCT GGTGCTGGTC AGTCTTGGGC TTGCGCTGGC CATTGTCTAT CTCATTGCCT TGGTGAGTGC TGTGTTCTGG TTGCGCTGGC CATTGTCTAT CTCATTGCCT TGGTGAGTGC CCATAACCTC CTATCTCCCC AGGCTGTCTG TCAGTGCCCC CGAAAGAACT CCATAACCTC CTATCTCCCC AGGCTGTCTG TCAGTGCCGC CGAAAGAACT 1641 + (60xn) 1591 + (60xn) | ATG CTC CCC TGA AGCAGCCATC AGAACTGTCC ACACCCTTTG Met Leu Pro Ter | 891 + (60xn) |
| GGTGTGGACC CAGTGTGGTG GTTGGAGGGT TGGGTGGTGG TCATGACCGT AGGAGGGACT GGTCGCACTT AAGGTTGGGG GAAGAGTCGT GAGCCAGAGC TGGGACCCGT GGCTGAAGTG CCCATTTCCC TGTGACCAGG CCAGGATCTG TGGTGGTACA ATTGACTCTG GCCTTCCGAG AAGGTACCAT CAATGTCCAC GACGTGGAGA CACAGTTCAA TCAGTATAAA ACGGAAGCAG CCTCTCGATA TAACCTGACG ATCTCAGACG TCAGCGGTGA GGCTACTTCC CTGGCTGCAG CCCAGCACCA TGCCGGGGCC CTCTCCTTCC AGTGCCTGGG TCCCCGGCTCT TTCCTTAGTG CTGGCAGCG GAGGGGCGCC TCCTCTGGAG GACTGCCCTG ACCACTGCTT TTCCTTTTAG TGAGTCATGT GCCATTTCCT TTCTCTGCCC AGTCTGGGGC TGGGGTGCCA GGCTGGGGCA TCGCCCTGCT GGTGCTGGTC AGTCTTGGGC TTGCGCTGGC CATTGTCTAT CTCATTGCCT TGGTGAGTGC AGTCCCTGGC CCTGATCAGA GCCCCCCGGT AGAAGGCACT CCATGGCCTG CCATAACCTC CTATCTCCC AGGCTGTCTG TCAGTGCCGC CGAAAGAACT 1041 + (60xn) 1091 + (60xn) 1141 + (60xn) 1241 + (60xn) 1241 + (60xn) 1341 + (60xn) | ATG CTC CCC TGA AGCAGCCATC AGAACTGTCC ACACCCTTTG Met Leu Pro Ter | 891 + (60xn) |
| AGGAGGGACT GGTCGCACTT AAGGTTGGGG GAAGAGTCGT GAGCCAGAGC TGGGACCCGT GGCTGAAGTG CCCATTTCCC TGTGACCAGG CCAGGATCTG TGGTGGTACA ATTGACTCTG GCCTTCCGAG AAGGTACCAT CAATGTCCAC GACGTGGAGA CACAGTTCAA TCAGTATAAA ACGGAAGCAG CCTCTCGATA TAACCTGACG ATCTCAGACG TCAGCGGTGA GGCTACTTCC CTGGCTGCAG CCCAGCACCA TGCCGGGGCC CTCTCCTTCC AGTGCCTGGG TCCCCGGCTCT TTCCTTAGTG CTGGCAGCGG GAGGGGCGCC TCCTCTGGAG GACTGCCCTG ACCACTGCTT TTCCTTTTAG TGAGTCATGT GCCATTTCCT TTCTCTGCCC AGTCTGGGGC TGGGGTGCCA GGCTGGGGCA TCGCCGTGCT GGTGCTGGTC AGTCTGGGGC TGGGGTGCCA GGCTGGGGCA TCGCCCTGCT GGTGCTGGTC TGTGTTCTGG TTGCGCTGGC CATTGTCTAT CTCATTGCCT TGGTGAGTGC AGTCCCTGGC CCTGATCAGA GCCCCCCGGT AGAAGGCACT CCATGGCCTG CCATAACCTC CTATCTCCCC AGGCTGTCTG TCAGTGCCGC CGAAAGAACT 1641 + (60xn) | ATG CTC CCC TGA AGCAGCCATC AGAACTGTCC ACACCCTTTG Met Leu Pro Ter 245* CATCAAGCCT GAGTCCTTTC CCTCTCACCC CAGTTTTTGC AGATTTATAA | , , |
| TGGGACCCGT GGCTGAAGTG CCCATTTCCC TGTGACCAGG CCAGGATCTG TGGTGGTACA ATTGACTCTG GCCTTCCGAG AAGGTACCAT CAATGTCCAC GACGTGGAGA CACAGTTCAA TCAGTATAAA ACGGAAGCAG CCTCTCGATA TAACCTGACG ATCTCAGACG TCAGCGGTGA GGCTACTTCC CTGGCTGCAG CCCAGCACCA TGCCGGGGCC CTCTCCTTCC AGTGCCTGGG TCCCCGCTCT TTCCTTAGTG CTGGCAGCGG GAGGGGCGCC TCCTCTGGGA GACTGCCCTG ACCACTGCTT TTCCTTTTAG TGAGTCATGT GCCATTTCCT TTCTCTGCCC AGTCCTGGGGC TGGGGTGCCA GGCTGGGGCA TCGCGCTGCT GGTGCTGGTC TGTGTTCTGG TTGCGCTGGC CATTGTCTAT CTCATTGCCT TGGTGAGTGC AGTCCCTGGC CCTGATCAGA GCCCCCCGGT AGAAGGCACT CCATGGCCTG CCATAACCTC CTATCTCCC AGGCTGTCT TCAGTGCCGC CGAAAGAACT CCATAACCTC CTATCTCCCC AGGCTGTCTG TCAGTGCCGC CGAAAGAACT 1141 + (60xm) 1191 + (60xm) 1241 + (60xm) 1341 + (60xm) 1391 + (60xm) | ATG CTC CCC TGA AGCAGCCATC AGAACTGTCC ACACCCTTTG Met Leu Pro Ter 245* CATCAAGCCT GAGTCCTTTC CCTCTCACCC CAGTTTTTGC AGATTTATAA ACAAGGGGGT TTTCTGGGCC TCTCCAATAT TAAGTTCAGG TACAGTTCTG | 941 + (60xn) |
| TGGTGGTACA ATTGACTCTG GCCTTCCGAG AAGGTACCAT CAATGTCCAC GACGTGGAGA CACAGTTCAA TCAGTATAAA ACGGAAGCAG CCTCTCGATA TAACCTGACG ATCTCAGACG TCAGCGGTGA GGCTACTTCC CTGGCTGCAG CCCAGCACCA TGCCGGGGCC CTCTCCTTCC AGTGCCTGGG TCCCCGCTCT TTCCTTAGTG CTGGCAGCGG GAGGGGCGCC TCCTCTGGGA GACTGCCCTG ACCACTGCTT TTCCTTTTAG TGAGTCATGT GCCATTTCCT TTCTCTGCCC AGTCTGGGGC TGGGGTGCCA GGCTGGGGA TCGCGCTGCT GGTGCTGGTC AGTCTGGGGC TGGGGTGCCA GGCTGGGGCA TCGCGCTGCT GGTGCTGGTC TGTGTTCTGG TTGCGCTGGC CATTGTCTAT CTCATTGCCT TGGTGAGTGC AGTCCCTGGC CCTGATCAGA GCCCCCCGGT AGAAGGCACT CCATGGCCTG CCATAACCTC CTATCTCCCC AGGCTGTCTG TCAGTGCCGC CGAAAGAACT 1191 + (60xn) 1241 + (60xn) 1341 + (60xn) 1391 + (60xn) 1391 + (60xn) 1391 + (60xn) 1491 + (60xn) | ATG CTC CCC TGA AGCAGCCATC AGAACTGTCC ACACCCTTTG Met Leu Pro Ter 245* CATCAAGCCT GAGTCCTTTC CCTCTCACCC CAGTTTTTGC AGATTTATAA ACAAGGGGGT TTTCTGGGCC TCTCCAATAT TAAGTTCAGG TACAGTTCTG GGTGTGGACC CAGTGTGGTG GTTGGAGGGT TGGGTGGTGG TCATGACCGT | 941 + (60xn) 991 + (60xn) 1041 + (60xn) |
| GACGTGGAGA CACAGTTCAA TCAGTATAAA ACGGAAGCAG CCTCTCGATA TAACCTGACG ATCTCAGACG TCAGCGGTGA GGCTACTTCC CTGGCTGCAG CCCAGCACCA TGCCGGGGCC CTCTCCTTCC AGTGCCTGGG TCCCCGCTCT TTCCTTAGTG CTGGCAGCGG GAGGGGCGCC TCCTCTGGGA GACTGCCCTG ACCACTGCTT TTCCTTTTAG TGAGTCATGT GCCATTTCCT TTCTCTGCCC AGTCTGGGGC TGGGGTGCCA GGCTGGGGCA TCGCCGTGCT GGTGCTGGTC AGTCTTGGGC TTGCGCTGGC CATTGTCTAT CTCATTGCCT TGGTGAGTGC AGTCCCTGGC CCTGATCAGA GCCCCCCGGT AGAAGGCACT CCATGGCCTG CCATAACCTC CTATCTCCCC AGGCTGTCTG TCAGTGCCGC CGAAAGAACT 1241 + (60xn) 1291 + (60xn) 1391 + (60xn) 1491 + (60xn) 150TCTTGGGC CCTGATCAGA GCCCCCCGGT AGAAGGCACT CCATGGCCTG 1591 + (60xn) 1591 + (60xn) 1591 + (60xn) 1591 + (60xn) | ATG CTC CCC TGA AGCAGCCATC AGAACTGTCC ACACCCTTTG Met Leu Pro Ter 245* CATCAAGCCT GAGTCCTTTC CCTCTCACCC CAGTTTTTGC AGATTTATAA ACAAGGGGT TTTCTGGGCC TCTCCAATAT TAAGTTCAGG TACAGTTCTG GGTGTGGACC CAGTGTGGTG GTTGGAGGGT TGGGTGGTGG TCATGACCGT AGGAGGGACT GGTCGCACTT AAGGTTGGGG GAAGAGTCGT GAGCCAGAGC | 941 + (60xn) 991 + (60xn) 1041 + (60xn) 1091 + (60xn) |
| TAACCTGACG ATCTCAGACG TCAGCGGTGA GGCTACTTCC CTGGCTGCAG CCCAGCACCA TGCCGGGGCC CTCTCCTTCC AGTGCCTGGG TCCCCGGCTCT TTCCTTAGTG CTGGCAGCGG GAGGGGCGCC TCCTCTGGGA GACTGCCCTG ACCACTGCTT TTCCTTTTAG TGAGTCATGT GCCATTTCCT TTCTCTGCCC AGTCTGGGGC TGGGGTGCCA GGCTGGGGCA TCGCGCTGCT GGTGCTGGTC TGTGTTCTGG TTGCGCTGGC CATTGTCTAT CTCATTGCCT TGGTGAGTGC AGTCCCTGGC CCTGATCAGA GCCCCCCGGT AGAAGGCACT CCATGGCCTG CCATAACCTC CTATCTCCCC AGGCTGTCTG TCAGTGCCGC CGAAAGAACT 1291 + (60xn) 1341 + (60xn) 1491 + (60xn) 1501 + (60xn) | ATG CTC CCC TGA AGCAGCCATC AGAACTGTCC ACACCCTTTG Met Leu Pro Ter 245* CATCAAGCCT GAGTCCTTTC CCTCTCACCC CAGTTTTTGC AGATTTATAA ACAAGGGGT TTTCTGGGCC TCTCCAATAT TAAGTTCAGG TACAGTTCTG GGTGTGGACC CAGTGTGGTG GTTGGAGGGT TGGGTGGTGG TCATGACCGT AGGAGGGACT GGTCGCACTT AAGGTTGGG GAAGAGTCGT GAGCCAGAGC TGGGACCCGT GGCTGAAGTG CCCATTTCCC TGTGACCAGG CCAGGATCTG | 941 + (60xn) 991 + (60xn) 1041 + (60xn) 1091 + (60xn) 1141 + (60xn) |
| CCCAGCACCA TGCCGGGGCC CTCTCCTTCC AGTGCCTGGG TCCCCGCTCT TTCCTTAGTG CTGGCAGCGG GAGGGGCGCC TCCTCTGGGA GACTGCCCTG ACCACTGCTT TTCCTTTTAG TGAGTCATGT GCCATTTCCT TTCTCTGCCC AGTCTGGGGC TGGGGTGCCA GGCTGGGGCA TCGCGCTGCT GGTGCTGGTC TGTGTTCTGG TTGCGCTGGC CATTGTCTAT CTCATTGCCT TGGTGAGTGC AGTCCCTGGC CCTGATCAGA GCCCCCCGGT AGAAGGCACT CCATGGCCTG CCATAACCTC CTATCTCCCC AGGCTGTCTG TCAGTGCCGC CGAAAGAACT 1641 + (60xn) | ATG CTC CCC TGA AGCAGCCATC AGAACTGTCC ACACCCTTTG Met Leu Pro Ter 245* CATCAAGCCT GAGTCCTTTC CCTCTCACCC CAGTTTTTGC AGATTTATAA ACAAGGGGGT TTTCTGGGCC TCTCCAATAT TAAGTTCAGG TACAGTTCTG GGTGTGGACC CAGTGTGGTG GTTGGAGGGT TGGGTGGTGG TCATGACCGT AGGAGGGACT GGTCGCACTT AAGGTTGGG GAAGAGTCGT GAGCCAGAGC TGGGACCCGT GGCTGAAGTG CCCATTTCCC TGTGACCAGG CCAGGATCTG TGGTGGTACA ATTGACTCTG GCCTTCCGAG AAGGTACCAT CAATGTCCAC | 941 + (60xn) 991 + (60xn) 1041 + (60xn) 1091 + (60xn) 1141 + (60xn) 1191 + (60xn) |
| TTCCTTAGTG CTGGCAGCGG GAGGGGCGCC TCCTCTGGGA GACTGCCCTG ACCACTGCTT TTCCTTTTAG TGAGTCATGT GCCATTTCCT TTCTCTGCCC AGTCTGGGGC TGGGGTGCCA GGCTGGGGCA TCGCGCTGCT GGTGCTGGTC TGTGTTCTGG TTGCGCTGGC CATTGTCTAT CTCATTGCCT TGGTGAGTGC AGTCCCTGGC CCTGATCAGA GCCCCCCGGT AGAAGGCACT CCATGGCCTG CCATAACCTC CTATCTCCCC AGGCTGTCTG TCAGTGCCGC CGAAAGAACT 1641 + (60xn) | ATG CTC CCC TGA AGCAGCCATC AGAACTGTCC ACACCCTTTG Met Leu Pro Ter 245* CATCAAGCCT GAGTCCTTTC CCTCTCACCC CAGTTTTTGC AGATTTATAA ACAAGGGGGT TTTCTGGGCC TCTCCAATAT TAAGTTCAGG TACAGTTCTG GGTGTGGACC CAGTGTGGTG GTTGGAGGGT TGGGTGGTGG TCATGACCGT AGGAGGGACT GGTCGCACTT AAGGTTGGG GAAGAGTCGT GAGCCAGAGC TGGGACCCGT GGCTGAAGTG CCCATTTCCC TGTGACCAGG CCAGGATCTG TGGTGGTACA ATTGACTCTG GCCTTCCGAG AAGGTACCAT CAATGTCCAC GACGTGGAGA CACAGTTCAA TCAGTATAAA ACGGAAGCAG CCTCTCGATA | 941 + (60xn) 991 + (60xn) 1041 + (60xn) 1091 + (60xn) 1141 + (60xn) 1191 + (60xn) 1241 + (60xn) |
| ACCACTGCTT TTCCTTTTAG TGAGTCATGT GCCATTTCCT TTCTCTGCCC 1441 + (60xn) AGTCTGGGGC TGGGGTGCCA GGCTGGGGCA TCGCGCTGCT GGTGCTGGTC 1491 + (60xn) TGTGTTCTGG TTGCGCTGGC CATTGTCTAT CTCATTGCCT TGGTGAGTGC 1541 + (60xn) AGTCCCTGGC CCTGATCAGA GCCCCCCGGT AGAAGGCACT CCATGGCCTG 1591 + (60xn) CCATAACCTC CTATCTCCCC AGGCTGTCTG TCAGTGCCGC CGAAAGAACT 1641 + (60xn) | ATG CTC CCC TGA AGCAGCCATC AGAACTGTCC ACACCCTTTG Met Leu Pro Ter 245* CATCAAGCCT GAGTCCTTTC CCTCTCACCC CAGTTTTTGC AGATTTATAA ACAAGGGGGT TTTCTGGGCC TCTCCAATAT TAAGTTCAGG TACAGTTCTG GGTGTGGACC CAGTGTGGTG GTTGGAGGGT TGGGTGGTGG TCATGACCGT AGGAGGGACT GGTCGCACTT AAGGTTGGGG GAAGAGTCGT GAGCCAGAGC TGGGACCCGT GGCTGAAGTG CCCATTTCCC TGTGACCAGG CCAGGATCTG TGGTGGTACA ATTGACTCTG GCCTTCCGAG AAGGTACCAT CAATGTCCAC GACGTGGAGA CACAGTTCAA TCAGTATAAA ACGGAAGCAG CCTCTCGATA TAACCTGACG ATCTCAGACG TCAGCGGTGA GGCTACTTCC CTGGCTGCAG | 941 + (60xn) 991 + (60xn) 1041 + (60xn) 1091 + (60xn) 1141 + (60xn) 1191 + (60xn) 1241 + (60xn) 1291 + (60xn) |
| AGTCTGGGGC TGGGGTGCCA GGCTGGGGCA TCGCGCTGCT GGTGCTGGTC $1491 + (60xn)$ TGTGTTCTGG TTGCGCTGGC CATTGTCTAT CTCATTGCCT TGGTGAGTGC $1541 + (60xn)$ AGTCCCTGGC CCTGATCAGA GCCCCCGGT AGAAGGCACT CCATGGCCTG $1591 + (60xn)$ CCATAACCTC CTATCTCCCC AGGCTGTCTG TCAGTGCCGC CGAAAGAACT $1641 + (60xn)$ | ATG CTC CCC TGA AGCAGCCATC AGAACTGTCC ACACCCTTTG Met Leu Pro Ter 245* CATCAAGCCT GAGTCCTTTC CCTCTCACCC CAGTTTTTGC AGATTTATAA ACAAGGGGGT TTTCTGGGCC TCTCCAATAT TAAGTTCAGG TACAGTTCTG GGTGTGGACC CAGTGTGGTG GTTGGAGGGT TGGGTGGTGG TCATGACCGT AGGAGGGACT GGTCGCACTT AAGGTTGGGG GAAGAGTCGT GAGCCAGAGC TGGGACCCGT GGCTGAAGTG CCCATTTCCC TGTGACCAGG CCAGGATCTG TGGTGGTACA ATTGACTCTG GCCTTCCGAG AAGGTACCAT CAATGTCCAC GACGTGGAGA CACAGTTCAA TCAGTATAAA ACGGAAGCAG CCTCTCGATA TAACCTGACG ATCTCAGACG TCAGCGGTGA GGCTACTTCC CTGGCTGCAG CCCAGCACCA TGCCGGGGCC CTCTCCTTCC AGTGCCTGGG TCCCCGCTCT | 941 + (60xn) 991 + (60xn) 1041 + (60xn) 1091 + (60xn) 1141 + (60xn) 1191 + (60xn) 1241 + (60xn) 1291 + (60xn) 1341 + (60xn) |
| TGTGTTCTGG TTGCGCTGGC CATTGTCTAT CTCATTGCCT TGGTGAGTGC $1541 + (60xn)$ AGTCCCTGGC CCTGATCAGA GCCCCCGGT AGAAGGCACT CCATGGCCTG $1591 + (60xn)$ CCATAACCTC CTATCTCCCC AGGCTGTCTG TCAGTGCCGC CGAAAGAACT $1641 + (60xn)$ | ATG CTC CCC TGA AGCAGCCATC AGAACTGTCC ACACCCTTTG Met Leu Pro Ter 245* CATCAAGCCT GAGTCCTTTC CCTCTCACCC CAGTTTTTGC AGATTTATAA ACAAGGGGGT TTTCTGGGCC TCTCCAATAT TAAGTTCAGG TACAGTTCTG GGTGTGGACC CAGTGTGGTG GTTGGAGGGT TGGGTGGTGG TCATGACCGT AGGAGGGACT GGTCGCACTT AAGGTTGGGG GAAGAGTCGT GAGCCAGAGC TGGGACCCGT GGCTGAAGTG CCCATTTCCC TGTGACCAGG CCAGGATCTG TGGTGGTACA ATTGACTCTG GCCTTCCGAG AAGGTACCAT CAATGTCCAC GACGTGGAGA CACAGTTCAA TCAGTATAAA ACGGAAGCAG CCTCTCGATA TAACCTGACG ATCTCAGACG TCAGCGGTGA GGCTACTTCC CTGGCTGCAG CCCAGCACCA TGCCGGGGCC CTCTCCTTCC AGTGCCTGGG TCCCCGCTCT TTCCTTAGTG CTGGCAGCGG GAGGGGCGCC TCCTCTGGGA GACTGCCCTG | 941 + (60xn) 991 + (60xn) 1041 + (60xn) 1091 + (60xn) 1141 + (60xn) 1191 + (60xn) 1241 + (60xn) 1291 + (60xn) 1341 + (60xn) 1391 + (60xn) |
| AGTCCCTGGC CCTGATCAGA GCCCCCCGGT AGAAGGCACT CCATGGCCTG $1591 + (60xn)$ CCATAACCTC CTATCTCCCC AGGCTGTCTG TCAGTGCCGC CGAAAGAACT $1641 + (60xn)$ | ATG CTC CCC TGA AGCAGCCATC AGAACTGTCC ACACCCTTTG Met Leu Pro Ter 245* CATCAAGCCT GAGTCCTTTC CCTCTCACCC CAGTTTTTGC AGATTTATAA ACAAGGGGGT TTTCTGGGCC TCTCCAATAT TAAGTTCAGG TACAGTTCTG GGTGTGGACC CAGTGTGGTG GTTGGAGGGT TGGGTGGTGG TCATGACCGT AGGAGGGACT GGTCGCACTT AAGGTTGGG GAAGAGTCGT GAGCCAGAGC TGGGACCCGT GGCTGAAGTG CCCATTTCCC TGTGACCAGG CCAGGATCTG TGGTGGTACA ATTGACTCTG GCCTTCCGAG AAGGTACCAT CAATGTCCAC GACGTGGAGA CACAGTTCAA TCAGTATAAA ACGGAAGCAG CCTCTCGATA TAACCTGACG ATCTCAGACG TCAGCGGTGA GGCTACTTCC CTGGCTGCAG CCCAGCACCA TGCCGGGGCC CTCTCCTTCC AGTGCCTGGG TCCCCGCTCT TTCCTTAGTG CTGGCAGCGG GAGGGGCGCC TCCTCTGGGA GACTGCCCTG ACCACTGCTT TTCCTTTTAG TGAGTCATGT GCCATTTCCT TTCTCTGCCC | 941 + (60xn) 991 + (60xn) 1041 + (60xn) 1091 + (60xn) 1141 + (60xn) 1191 + (60xn) 1241 + (60xn) 1291 + (60xn) 1341 + (60xn) 1391 + (60xn) 1441 + (60xn) |
| CCATAACCTC CTATCTCCCC AGGCTGTCTG TCAGTGCCGC CGAAAGAACT 1641 + (60xn) | ATG CTC CCC TGA AGCAGCCATC AGAACTGTCC ACACCCTTTG Met Leu Pro Ter 245* CATCAAGCCT GAGTCCTTTC CCTCTCACCC CAGTTTTTGC AGATTTATAA ACAAGGGGGT TTTCTGGGCC TCTCCAATAT TAAGTTCAGG TACAGTTCTG GGTGTGGACC CAGTGTGGTG GTTGGAGGGT TGGGTGGTGG TCATGACCGT AGGAGGGACT GGTCGCACTT AAGGTTGGGG GAAGAGTCGT GAGCCAGAGC TGGGACCCGT GGCTGAAGTG CCCATTTCCC TGTGACCAGG CCAGGATCTG TGGTGGTACA ATTGACTCTG GCCTTCCGAG AAGGTACCAT CAATGTCCAC GACGTGGAGA CACAGTTCAA TCAGTATAAA ACGGAAGCAG CCTCTCGATA TAACCTGACG ATCTCAGACG TCAGCGGTGA GGCTACTTCC CTGGCTGCAG CCCAGCACCA TGCCGGGGCC CTCTCCTTCC AGTGCCTGGG TCCCCGCTCT TTCCTTAGTG CTGGCAGCGG GAGGGGCGCC TCCTCTGGCA GACTGCCCTG ACCACTGCTT TTCCTTTTAG TGAGTCATGT GCCATTTCCT TTCTCTGCCC AGTCTGGGGC TGGGGTGCCA GGCTGGGGCA TCGCGCTGCT GGTGCTGGTC | 941 + (60xn) 991 + (60xn) 1041 + (60xn) 1091 + (60xn) 1141 + (60xn) 1191 + (60xn) 1241 + (60xn) 1291 + (60xn) 1341 + (60xn) 1391 + (60xn) 1441 + (60xn) |
| · | ATG CTC CCC TGA AGCAGCCATC AGAACTGTCC ACACCCTTTG Met Leu Pro Ter 245* CATCAAGCCT GAGTCCTTTC CCTCTCACCC CAGTTTTTGC AGATTTATAA ACAAGGGGGT TTTCTGGGCC TCTCCAATAT TAAGTTCAGG TACAGTTCTG GGTGTGGACC CAGTGTGGTG GTTGGAGGGT TGGGTGGTGG TCATGACCGT AGGAGGGACT GGTCGCACTT AAGGTTGGGG GAAGAGTCGT GAGCCAGAGC TGGGACCCGT GGCTGAAGTG CCCATTTCCC TGTGACCAGG CCAGGATCTG TGGTGGTACA ATTGACTCTG GCCTTCCGAG AAGGTACCAT CAATGTCCAC GACGTGGAGA CACAGTTCAA TCAGTATAAA ACGGAAGCAG CCTCTCGATA TAACCTGACG ATCTCAGACG TCAGCGGTGA GGCTACTTCC CTGGCTGCAG CCCAGCACCA TGCCGGGGCC CTCTCCTTCC AGTGCCTGGG TCCCCGCTCT TTCCTTAGTG CTGGCAGCGG GAGGGGCGCC TCCTCTGGGA GACTGCCCTG ACCACTGCTT TTCCTTTTAG TGAGTCATGT GCCATTTCCT TTCTCTGCCC AGTCTGGGGC TGGGGTGCCA GGCTGGGGA TCGCGCTGCT GGTGCTGGTC TGTGTTCTGG TTGCGCTGGC CATTGTCTAT CTCATTGCCT TGGTGAGTGC | 941 + (60xn) 991 + (60xn) 1041 + (60xn) 1091 + (60xn) 1141 + (60xn) 1191 + (60xn) 1241 + (60xn) 1291 + (60xn) 1341 + (60xn) 1391 + (60xn) 1441 + (60xn) 1491 + (60xn) |
| (| ATG CTC CCC TGA AGCAGCCATC AGAACTGTCC ACACCCTTTG Met Leu Pro Ter 245* CATCAAGCCT GAGTCCTTTC CCTCTCACCC CAGTTTTTGC AGATTTATAA ACAAGGGGGT TTTCTGGGCC TCTCCAATAT TAAGTTCAGG TACAGTTCTG GGTGTGGACC CAGTGTGGTG GTTGGAGGGT TGGGTGGTGG TCATGACCGT AGGAGGGACT GGTCGCACTT AAGGTTGGG GAAGAGTCGT GAGCCAGAGC TGGGACCCGT GGCTGAAGTG CCCATTTCCC TGTGACCAGG CCAGGATCTG TGGTGGTACA ATTGACTCTG GCCTTCCGAG AAGGTACCAT CAATGTCCAC GACGTGGAGA CACAGTTCAA TCAGTATAAA ACGGAAGCAG CCTCTCGATA TAACCTGACG ATCTCAGACG TCAGCGGTGA GGCTACTTCC CTGGCTGCAG CCCAGCACCA TGCCGGGGCC CTCTCCTTCC AGTGCCTGGG TCCCCGCTCT TTCCTTAGTG CTGGCAGCGG GAGGGGCGCC TCCTCTGGGA GACTGCCCTG ACCACTGCTT TTCCTTTTAG TGAGTCATGT GCCATTTCCT TTCTCTGCCC AGTCTGGGGC TGGGGTGCCA GGCTGGGCA TCGCGCTGCT GGTGCTGGTC TGTGTTCTGG TTGCGCTGGC CATTGTCTAT CTCATTGCCT TGGTGAGTGC AGTCCCTGGC CCTGATCAGA GCCCCCCGGT AGAAGGCACT CCATGGCCTG | 941 + (60xn) 991 + (60xn) 1041 + (60xn) 1091 + (60xn) 1141 + (60xn) 1191 + (60xn) 1241 + (60xn) 1291 + (60xn) 1341 + (60xn) 1391 + (60xn) 1491 + (60xn) 1591 + (60xn) |

REVENDICATIONS

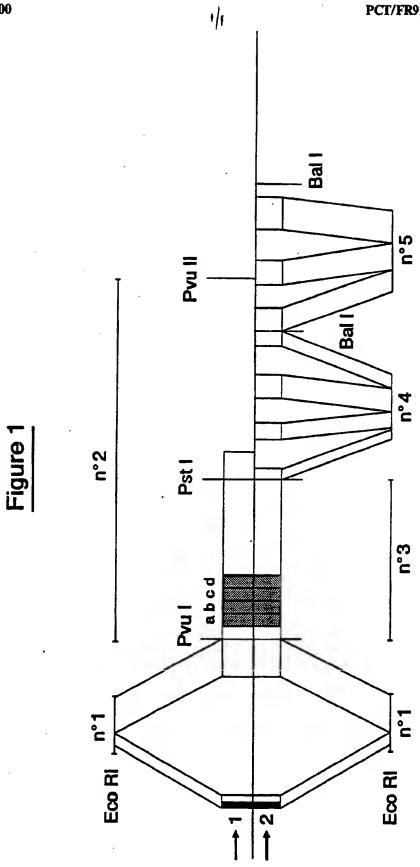
- Une composition pharmaceutique pour traiter ou prévenir une tumeur maligne qui comprend, à titre d'agent thérapeutique, un polypeptide reconnu par l'anticorps H23 en association avec un diluent ou un support acceptable d'un point de vue pharmaceutique
- Une composition selon la revendication 1 dans laquelle le polypeptide reconnu par l'anticorps H23 comprend une séquence répétée <u>n</u> fois, <u>n</u> étant un nombre de 1 à 80; et de formule (I): Pro-Gly-Ser-Thr-Ala-Pro-X₁-Ala-His-Gly-Val-Thr-Ser-Ala-Pro-Asp-Y-Arg-Pro-X₂, dans laquelle X₁ et X₂ sont indépendamment Pro ou Ala et Y est Thr ou Asn.
- Une composition selon la revendication 2 dans laquelle le polypeptide reconnu par l'anticorps H23 est un polypeptide comprenant la séquence de formule (I) répétée n fois dont la séquence complète présente un degré d'homologie d'au moins 80 % avec (i) la séquence telle que montrée dans l'IS n° 1 commençant avec le résidu thréonine en position 1 et finissant avec le résidu leucine en position 414 + (20 x n) ou (ii) la séquence telle que montrée dans l'IS n° 2 commençant avec le résidu thréonine en position 1 et finissant avec le résidu proline en position 246 + (20 x n); le nombre n relatif à la séquence de formule (I) dudit polypeptide d'une part, et celui relatif à la séquence telle que montrée dans l'IS n° 1 ou 2 d'autre part, étant de manière dépendante un nombre de 1 à 80.
- 4. Une composition selon la revendication 3 dans laquelle le polypeptide reconnu par l'anticorps H23 est un polypeptide comprenant la séquence de formule (I) répétée n fois dont la séquence complète présente un degré d'homologie d'au moins 80 % avec (i) la séquence telle que montrée dans l'IS n° 1 commençant avec le résidu thréonine en position 1 et finissant avec le résidu leucine en position 414 +(20 x n) ou (ii) la séquence telle que montrée dans l'IS n° 2 commençant avec le résidu thréonine en position 1 et finissant avec le résidu proline en position 246 + (20 x n); le nombre n relatif à la séquence de formule (I) dudit polypeptide d'une part, et celui relatif à la séquence telle que montrée dans l'IS n° 1 ou 2 d'autre part, étant de manière dépendante, 2, 3 ou 4.

10

- 5. Une composition selon la revendication 3 dans laquelle le polypeptide reconnu par l'anticorps H23 a pour séquence (i) la séquence telle que montrée dans l'IS n° 1 commençant avec le résidu thréonine en position 1 et finissant avec le résidu leucine en position 414 + (20 x n) ou (ii) la séquence telle que montrée dans l'IS n° 2 commençant avec le résidu thréonine en position 1 et finissant avec le résidu proline en position 246 + (20 x n); n étant un nombre de 1 à 80.
- 6. Une composition selon la revendication 5 dans laquelle le polypeptide reconnu par l'anticorps H23 a pour séquence (i) la séquence telle que montrée dans l'IS n° 1 commençant avec le résidu thréonine en position 1 et finissant avec le résidu leucine en position 414 + (20 x n) ou (ii) la séquence telle que montrée dans l'IS n° 2 commençant avec le résidu thréonine en position 1 et finissant avec le résidu proline en position 246 + (20 x n); n étant 2,3 ou 4.
- 7. Une composition pharmaceutique pour traiter ou prévenir une tumeur maligne qui comprend, à titre d'agent thérapeutique, un virus dans le génome duquel est inséré un fragment d'ADN codant pour un polypeptide reconnnu par l'anticorps H23, ledit fragment d'ADN étant placé sous le contrôle de signaux de transcription et de traduction appropriés.
- 8. Une composition selon la revendication 7 qui comprend un virus dans le génome duquel est inséré un fragment d'ADN codant pour un polypeptide reconnu par l'anticorps H23; ledit polypeptide comprenant une séquence répétée n fois, n étant un nombre de 1 à 80; et de formule (I): Pro-Gly-Ser-Thr-Ala-Pro-X₁-Ala-His-Gly-Val-Thr-Ser-Ala-Pro-Asp-Y-Arg-Pro-X₂, dans laquelle X₁ et X₂ sont indépendamment Pro ou Ala et Y est Thr ou Asn.
- Une composition selon la revendication 8 qui comprend un virus dans le génome duquel est inséré un fragment d'ADN codant pour un polypeptide reconnu par l'anticorps H23, comprenant la séquence de formule (I) répétée <u>n</u> fois et dont la séquence complète présente un degré d'homologie d'au moins 80 % avec (i) la séquence telle que montrée dans l'IS n° 1 commençant avec le résidu thréonine en position 1 et finissant avec le résidu leucine en position 414 + (20 x <u>n</u>) ou (ii) la séquence telle que montrée dans l'IS n° 2 commençant avec le résidu thréonine en position 1 et finissant avec le résidu proline en position 246 + (20 x <u>n</u>); le nombre <u>n</u> relatif à la séquence de formule (I) dudit polypeptide d'une part, et celui relatif à la séquence telle que montrée dans l'IS n° 1 ou 2 d'autre part, étant de manière dépendante un nombre de 1 à 80.

- 10. Une composition selon la revendication 9 qui comprend un virus dans le génome duquel est inséré un fragment d'ADN codant pour un polypeptide reconnu par l'anticorps H23, comprenant la séquence de formule (I) répétée n fois et dont la séquence complète présente un degré d'homologie d'au moins 80 % avec (i) la séquence telle que montrée dans l'IS n° 1 commençant avec le résidu thréonine en position 1 et finissant avec le résidu leucine en position 414 + (20 x n) ou (ii) la séquence telle que montrée dans l'IS n° 2 commençant avec le résidu thréonine en position 1 et finissant avec le résidu proline en position 246 + (20 x n); le nombre n relatif à la séquence de formule (I) dudit polypeptide d'une part, et celui relatif à la séquence telle que montrée dans l'IS n° 1 ou 2 d'autre part, étant de manière dépendante 2, 3 ou 4.
- Une composition selon la revendication 9 qui comprend un virus dans le génome duquel est inséré un fragment d'ADN codant pour un polypeptide reconnu par l'anticorps H23, ayant pour séquence (i) la séquence telle que montrée dans l'IS n° 1 commençant avec le résidu thréonine en position 1 et finissant avec le résidu leucine en position 414 + (20 x n) ou (ii) la séquence telle que montrée dans l'IS n° 2 commençant avec le résidu thréonine en position 1 et finissant avec le résidu proline en position 246 + (20 x n); n étant un nombre de 1 à 80.
- 12. Une composition selon la revendication 11 qui comprend un virus dans le génome duquel est inséré un fragment d'ADN codant pour un polypeptide reconnu par l'anticorps H23, ayant pour séquence (i) la séquence telle que montrée dans l'IS n° 1 commençant avec le résidu thréonine en position 1 et finissant avec le résidu leucine en position 414 + (20 x n) ou (ii) la séquence telle que montrée dans l'IS n° 2 commençant avec le résidu thréonine en position 1 et finissant avec le résidu proline en position 246 + (20 x n); n étant 2, 3 ou 4.
 - 13. Une composition selon n'importe laquelle des revendications 7 à 12 dans laquelle le virus dans le génome duquel est inséré un fragment d'ADN codant pour un polypeptide reconnu par l'anticorps H23 est un poxvirus.
- 14. Une composition selon n'importe laquelle des revendications 7 à 12 dans laquelle le poxvirus dans le génome duquel est inséré un fragment d'ADN codant pour un polypeptide reconnu par l'anticorps H23 est le virus de la vaccine.

15. A titre d'agent thérapeutique pour le traitement ou la prévention d'une tumeur maligne, un polypeptide reconnu par l'anticorps H23.



INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International Application No PCT/FR 91/00835

| | | OF SUBJECT MATTER (II several classific | | |
|---|---|--|---|---|
| According t | to Internetion | al Patent Cleseification (IPC) or to both Nation | nsl Classification and IPC | |
| CIB 5 | 5 | C07K15/00 | | |
| II. FIELDS | SEARCHE | Minimum Documente | ation Searched 7 | |
| Classification | n Svetam I | | lassification Symbols | |
| | | | | |
| CIB 5 | | C07K | | |
| | | Documentation Searched other the to the Extent that such Documents a | an Minimum Documentation are Included in the Fields Searched • | |
| | | | | |
| | MENTS CO | NSIDERED TO BE RELEVANT | - data of the relevant seesance 12 | Relevant to Claim No. 13 |
| Category * | | n of Document, 11 with indication, where appro | | No. 61 Callette |
| Х | 14 see | A,8 805 054 (IMPERIAL CAN July 1988 e page 43, line 2 – page 4 e page 1, line 1 – line 10 e page 10, line 12 – line | 6, line 9 ; claims 3,32 | 1-15 |
| х | 23 | A,O 369 816 (UNIVERSITY O May 1990 e page 5, line 13 - line 1 | | 1-6,15 |
| X. | 17 | A,9 005 142 (IMPERIAL CAN May 1990 e page 10, line 20 - line | | 7-14 |
| А | WO see | A,8 903 429 (HEALTH SEARC e page 1, line 7 - line 22 | H INC) 20 April 1989 | 7-14 |
| A | EP (ci | A,O 174 534 (TEL AVIV UNI ted in the application) | YERSITY) 19 March 1986 | |
| , | | | | |
| "A" doc con "E" earl filin "L" doc whi clts "O" doc oth | cument definition aldered to be lier documer by data cument which is cited the cument reference means cument reference to the cument reference cument publicument | of cited documents: 10 ing the general state of the art which is not e of particular relevance it but published on or after the international h may throw doubts on priority claim(s) or o establish the publication date of another repectal reason (as specified) ring to an oral disclosure, use, exhibition or shed prior to the international filling date but riority date claimed | "T" later document published after or priority date and not in conficited to understand the princip invention document of particular relevant cannot be considered novel of involve an inventive step. "Y" document of particular relevance has considered to involve document is combined with one ments, auch combination being in the art. "&" document member of the same | ict with the application but le or theory underlying the lice; the claimed invention respect to cap' the claimed invention an inventive step when the cormore either such docu- |
| | IFICATION | | Data of Mailing of this International S | earch Report |
| l | | mpletion of the International Search | | |
|] | | 1991 (13.12.1991) | 06 January 1992 (06. | U1 • 1332 / |
| | nal Searchin PEAN PA | TENT OFFICE | 4.9.10.00 | |

ANNEX TO THE INTERNATIONAL SEARCH REPORT ON INTERNATIONAL PATENT APPLICATION NO. FR 52902

This annex lists the patent family members relating to the patent documents cited in the above-mentioned international search report.

The members are as contained in the European Patent Office EDP file on

The European Patent Office is in no way liable for these particulars which are merely given for the purpose of information. 13/12/91

| Patent document cited in search report | Publication date | 1 | Patent family member(s) | Publication date |
|---|------------------|--|--|--|
| WO-A-8805054 | 14-07-88 | AU-A- EP-A- JP-T- | 1103988 0341252 2501828 | 27-07-88 15-11-89 21-06-90 |
| EP-A-0369816 | 23-05-90 | CA-A- | 2003211 | 17-05-90 |
| WO-A-9005142 | 17-05-90 | EP-A- | 0442926 | 28-08-91 |
| WO-A-8903429 | 20-04-89 | AU-A- BE-A- FR-A- GB-A- JP-T- NL-A- | 2427588 1002134 2621487 2217718 2500879 8820679 | 02-05-89 24-07-90 14-04-89 01-11-89 29-03-90 03-07-89 |
| EP-A-0174534 | 19-03-86 | US-A- AU-B- AU-A- CA-A- JP-A- | 4707438 588542 4649585 1248471 61132182 | 17-11-87 21-09-89 27-02-86 10-01-89 19-06-86 |

PCT/FR 91/00835

Demande Internationale No

| | | ION (si plusieurs symboles de classification s | | | | | | |
|--|---|---|---|---|--|--|--|--|
| | ssification internations 5 CO7K15/00 | lle des brevets (CIB) ou à la fois selon la class) | ification nationale et la CIB | | | | | |
| IL DOMAII | NES SUR LESQUEL | LA RECHERCHE A PORTE | | | | | | |
| | | Documentation mini | | | | | | |
| Système | de classification | Sym | boles de classification | | | | | |
| CIB | 5 C07K | | | | | | | |
| | | Documentation consultée autre que la doc où de tels documents font partie des documents | umentation minimale dans la mesur ines sur lesquels la recherche a por | | | | | |
| | | | | · | | | | |
| III. DOCU | | S COMME PERTINENTS ¹⁰ | an al alexanical? | No. des revendications | | | | |
| Catigorie ^o | Ide | ntification des documents cités, avec indicat des passages pertinents ¹³ | DO' 21 DECEZZERAN | No. des revenications Visées 14 | | | | |
| X | Juillet | ge 43. ligne 2 - page 46 | , ligne 9 | 1-15 | | | | |
| | voir pa 3.32 | ge 1, ligne 1 - ligne 10 ge 10, ligne 12 - ligne | ; revendications | | | | | |
| х | 1990 voir pa | 369 816 (UNIVERSITY OF M ge 5, ligne 13 - ligne 1 | | 1-6,15 | | | | |
| х | 1990 | 005 142 (IMPERIAL CANCER ge 10, ligne 20 - ligne | | 7-14 | | | | |
| A | WO,A,8 | 903 429 (HEALTH SEARCH age 1, ligne 7 - ligne 22 | INC) 20 Avril | 7-14 | | | | |
| | | | =/== | ald many and A to date to the Ma | | | | |
| "A" de co | posidéré comme partici pomment antérieur, mai consi ou après cette éxi pomment pouvant jeter riorité ou cité pour déte utre citation ou pour un poument se référant à ne exposition ou tous s ne exposition ou tous s | tat général de la technique, non illérement pertisent s publié à la date de dépôt interna- s un donte sur une revendication de crainer la date de publication d'une se rainen spéciale (telle qu'indiquée) une divulgation crais, à un usage, à untres moyens a date de dépôt international, mais | à l'état de la technique perdit le principe ou la théorie cons "X" document particulièrement pe quée un peut être considéré impliquant une activité inven "Y" document particulièrement pe diquée ne peut être considéré artiché jeventire lorsune le se | priorité et n'appartement par lent, mais cité pour comprendre tituant la base de l'invention priment; l'invention revendi- comme mouvelle ou comme titve priment; l'invention reven- le comme impliquant une locument est associé à un ou e même mature, onte cembi- ne personne du métier. | | | | |
| | TECATION | | | | | | | |
| | wile is retherche inte | mationale a été effectivement achevée EMBRE 1991 | | rapport de recherche internationale 01, 92 | | | | |
| Administration chargée de la recherche internationale OFFICE EUROPEEN DES BREVETS Signature du foactionnaire autorisé C. TURMO | | | | | | | | |

Formulairo PCT/ISA/210 (describes feelile) (Jarvier 1985)

| III. DOCUMENTS CONSIDERES COMME PERTINENTS 14 | | | | | | (SUITE DES RENSEIGNEMENTS INDIQUES SUR LA DEUXIEME FEUILLE) | | | | | | | | |
|---|---|---|----------------|------|-------|--|------------|---|----|------|--------|--|----------|---|
| atégorie ° | Identification des documents cités, ¹⁶ avec indication, si nécessaire des passages pertinents ¹⁷ | | | | | | | | | | No. de | No. des revendications visées ¹⁸ | | |
| | 1986 | | ,0 174 dans | | | | UNIVERSITY | | 19 | Mars | | | | |
| | | | | • | | | | | | | • | | | |
| | | | | | | | | | • | | | | | |
| | | | | | | • | | | | | | • | | |
| | | | | | | | | | | | • | | | |
| | | | | | | | | | | | | | | |
| | | | | | | | | | | | | | | • |
| | | | | | | | | | | | | | | |
| | | | | | | | | | • | | | | | • |
| | | | | | | | | | | | | | | |
| | | | | | | | | | | | | | <u> </u> | |
| | | • | | | | | • | | | | | | | |
| Ì | | | | | | | | | | | | | | |
| ľ | | | | | | | | | | | | | | |
| | | | | | | | | | | | | | | |
| | | | | | | | | | | | | | | |
| | | | | | | | | | | | | | | |
| | | | | | | | | | | | | | | |
| | | | | | | | | | | | | | | |
| , | , | | | | | | | | | | | | | |
| | | | | | | | | | | | | | | |
| | | | | | | | | | | | | | } | |
| | | | | | | | | | | | | | | |
| | | | | | | | | | | | | | | |
| | | | | | | | | | | | | | | |
| | | | | | • | | | • | | | | | | |
| | | | | | | | | | | | | | | |
| | | | • | | | | | | | | | | | |
| PCT/IS | A (210 (4mm)) | | ادالت | 1044 | 18011 | | | · | | | | | | |

ANNEXE AU RAPPORT DE RECHERCHE INTERNATIONALE FR 9100835

SA 52902

La présente annexe indique les membres de la famille de brevets relatifs aux documents brevets cités dans le rapport de recherche internationale visé ci-dessus.

Les dits membres sont contenus au fichier informatique de l'Office européen des brevets à la date du

Les renseignements fournis sont donnés à titre indicatif et n'engagent pas la responsabilité de l'Office européen des brevets. 13/12/91

| Document brevet cité au rapport de recherche | Date de publication | | fembre(s) de la nille de brevet(s) | Date de publication | | |
|---|------------------------|--|--|--|--|--|
| ₩0- A-8805054 | 14-07-88 | AU-A- EP-A- JP-T- | 1103988 0341252 2501828 | 27-07-88 15-11-89 21-06-90 | | |
| EP-A-0369816 | 23-05-90 | CA-A- | 2003211 | 17-05-90 | | |
| WO-A-9005142 | 17-05-90 | EP-A- | 0442926 | 28-08-91 | | |
| WO-A-8903429 | 20-04-89 | AU-A- BE-A- FR-A- GB-A- JP-T- NL-A- | 2427588 1002134 2621487 2217718 2500879 8820679 | 02-05-89 24-07-90 14-04-89 01-11-89 29-03-90 03-07-89 | | |
| EP-A-0174534 | 19-03-86 | US-A- AU-B- AU-A- CA-A- JP-A- | 4707438 588542 4649585 1248471 61132182 | 17-11-87 21-09-89 27-02-86 10-01-89 19-06-86 | | |

This Page is Inserted by IFW Indexing and Scanning Operations and is not part of the Official Record

BEST AVAILABLE IMAGES

Defective images within this document are accurate representations of the original documents submitted by the applicant.

Defects in the images include but are not limited to the items checked:

| □ BLACK BORDERS |
|---|
| ☐ IMAGE CUT OFF AT TOP, BOTTOM OR SIDES |
| FADED TEXT OR DRAWING |
| BLURRED OR ILLEGIBLE TEXT OR DRAWING |
| ☐ SKEWED/SLANTED IMAGES |
| ☐ COLOR OR BLACK AND WHITE PHOTOGRAPHS |
| ☐ GRAY SCALE DOCUMENTS |
| LINES OR MARKS ON ORIGINAL DOCUMENT |
| ☐ REFERENCE(S) OR EXHIBIT(S) SUBMITTED ARE POOR QUALITY |
| П отибр. |

IMAGES ARE BEST AVAILABLE COPY.

As rescanning these documents will not correct the image problems checked, please do not report these problems to the IFW Image Problem Mailbox.